

10/PATS

09/673400
529 Rec'd PCT/PTC 17 OCT 2000

VERIFICATION OF TRANSLATION

I, Melissa Stanford, a translator with Chillson Translating Service, 3530 Chas Drive, Hampstead, Maryland, 21074, hereby declare as follows:

That I am familiar with the German and English languages;

That I am capable of translating from German to English;

That the translation attached hereto is a true and accurate translation of German Application PCT/DE99/01178 titled, "Human Nucleic Acid Sequences from Hysteromyomic Tissue;"

That all statements made herein of my own knowledge are true and that all statements made on information and belief are believed to be true;

And further that these statements were made with the knowledge that willful false statements and the like so made are punishable by fine or imprisonment, or both, under Section 1001 of Title 18 of the United States Code and that such willful false statements may jeopardize the validity of the application or any registration resulting therefrom.

By Melissa Stanford

Executed this 11 day of Oct 2000.

Witness Clare Davis

~~Question~~
CONSTITUTIONALITY

THIS PAGE BLANK (USPTO)

BUNDESREPUBLIK DEUTSCHLAND



EDU

**PRIORITY
DOCUMENT**

 SUBMITTED OR TRANSMITTED IN
 COMPLIANCE WITH RULE 17.1(a) OR (b)

REC'D 22 JUL 1999

WIPO PCT

Bescheinigung

DE 99/ 1178

Die metaGen Gesellschaft für Genomforschung mbH in Berlin/Deutschland hat eine Patentanmeldung unter der Bezeichnung

"Menschliche Nukleinsäuresequenzen aus Uterusmyomgewebe"

am 17. April 1998 beim Deutschen Patent- und Markenamt eingereicht.

Die angehefteten Stücke sind eine richtige und genaue Wiedergabe der ursprünglichen Unterlagen dieser Patentanmeldung.

Die Anmeldung hat im Deutschen Patent- und Markenamt vorläufig die Symbole C 07 K, A 61 K und C 07 H der Internationalen Patentklassifikation erhalten.

München, den 20. Mai 1999

Deutsches Patent- und Markenamt

Der Präsident

Im Auftrag

Keller

Patentzeichen: 198 17 947.2

A 916 1

06.90
11/98

© PCT/DE 99/01178

Menschliche Nukleinsäuresequenzen aus Uterusmyomgewebe

- 5 Die Erfindung betrifft menschliche Nukleinsäuresequenzen aus Uterusmyomgewebe, die für Produkte oder Teile davon kodieren, deren funktionale Gene, die mindestens ein biologisch aktives Polypeptid kodieren und deren Verwendung.
- 10 Die Erfindung betrifft weiterhin die über die Sequenzen erhältlichen Polypeptide und deren Verwendung.
- 15 Eine der Hauptkrebstodesursachen bei Frauen ist das Uterusmyom, für dessen Bekämpfung neue Therapien notwendig sind. Bisher verwendete Therapien, wie z.B. Chemotherapie, Hormontherapie oder chirurgische Entfernung des Tumorgewebes, führen häufig nicht zu einer vollständigen Heilung.
- 20 Das Phänomen Krebs geht häufig einher mit der Über- oder Unterexpression gewisser Gene in den entarteten Zellen, wobei noch unklar ist, ob diese veränderten Expressionsraten Ursache oder Folge der malignen Transformation sind. Die Identifikation solcher Gene wäre ein wesentlicher Schritt für die Entwicklung neuer Therapien gegen Krebs. Der spontanen Entstehung von Krebs geht häufig eine Vielzahl von Mutationen voraus. Diese können verschiedenste Auswirkungen auf das Expressionsmuster in dem betroffenen Gewebe haben, wie z.B. Unter- oder Überexpression, aber auch Expression verkürzter Gene. Mehrere solcher Veränderungen durch solche Mutationskaskaden können schließlich zu bösartigen Entartungen führen. Die Komplexität solcher Zusammenhänge erschwert die experimentelle Herangehensweise sehr.
- 25 Für die Suche nach Kandidatengenen, d.h. Genen, die im Vergleich zum Tumorgewebe im normalen Gewebe stärker exprimiert werden, wird eine Datenbank verwendet, die aus sogenannten ESTs besteht. ESTs (Expressed Sequence Tags) sind Sequenzen von cDNAs, d.h. revers transkribierten mRNAs, den Molekülen also, die die Expression von Genen widerspiegeln. Die EST-Sequenzen werden für normale und entartete Gewebe ermittelt. Solche Datenbanken werden von verschiedenen Betreibern z.T. kommerziell angeboten. Die ESTs der LifeSeq-Datenbank, die hier verwendet wird, sind in der Regel zwischen 150 und 350 Nukleotide lang. Sie repräsentieren ein für ein bestimmtes Gen unverkennbares Muster, obwohl dieses Gen normalerweise sehr viel länger ist (> 2000 Nukleotide). Durch Vergleich der Expressionsmuster von normalen und Tumorgewebe können ESTs identifiziert werden, die für die Tumorentstehung und -proliferation wichtig sind. Es besteht jedoch folgendes Problem: Da durch unterschiedliche Konstruktionen der cDNA-Bibliotheken die gefundenen EST-Sequenzen zu unterschiedlichen Regionen eines unbekannten Gens gehören können, ergäbe sich in einem solchen Fall ein völlig falsches Verhältnis des Vorkommens dieser ESTs in dem jeweiligen Gewebe. Dieses würde erst bemerkt werden, wenn das vollständige Gen bekannt ist und somit die ESTs dem gleichen Gen zugeordnet werden können.
- 30 Es wurde nun gefunden, daß diese Fehlermöglichkeit verringert werden kann, wenn zuvor sämtliche ESTs aus dem jeweiligen Gewebstyp assembliert werden, bevor die Expressionsmuster miteinander verglichen werden. Es wurden also überlappende ESTs ein und desselben Gens zu längeren Sequenzen zusammengefaßt (s. Fig. 1, Fig. 2a und Fig. 3). Durch diese Verlängerung und damit Abdeckung eines wesentlich größeren Genbereichs in jeder der jeweiligen Banken sollte der oben beschriebene Fehler weitgehend vermieden werden. Da es hierzu keine bestehenden Softwareprodukte gab, wurden Programme für das Assemblieren von genomischen Abschnitten verwendet, die abgewandelt eingesetzt und durch eigene Programme ergänzt wurden. Ein Flowchart der Assemblierungsprozedur ist in Fig. 2b1 – 2b4 dargestellt.
- 35
- 40
- 45
- 50

Es konnten nun die Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No 1 bis Seq. ID No. 31 gefunden werden, die als Kandidatengene beim Uterusmyom eine Rolle spielen.

5 Von besonderem Interesse sind die Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID Nos. 14-18, 30, 31.

10 Die Erfindung betrifft somit Nukleinsäure-Sequenzen, die ein Genprodukt oder ein Teil davon kodieren, umfassend

a) eine Nukleinsäure-Sequenz, ausgewählt aus der Gruppe der Nukleinsäure-Sequenzen Seq ID Nos. 14-18, 30, 31.

15 b) eine allelische Variation der unter a) genannten Nukleinsäure-Sequenzen

oder

c) eine Nukleinsäure-Sequenz, die komplementär zu den unter a) oder b) genannten Nukleinsäure-Sequenzen ist.

25 Die Erfindung betrifft weiterhin eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß einer der Sequenzen Seq ID Nos 14-18, 30, 31 oder eine komplementäre oder allelische Variante davon und die Nukleinsäure-Sequenzen davon, die eine 90%ige bis 95%ige Homologie zu einer humanen Nukleinsäure-Sequenz aufweisen.

30 Die Erfindung betrifft auch die Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 31, die im Uterusmyom erhöht exprimiert sind.

35 Die Erfindung betrifft ferner Nukleinsäure-Sequenzen, umfassend einen Teil der oben genannten Nukleinsäure-Sequenzen, in solch einer ausreichenden Größe, daß sie mit den Sequenzen Seq. ID Nos 14-18, 30, 31 hybridisieren.

40 Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen weisen im allgemeinen eine Länge von mindestens 50 bis 4500 bp, vorzugsweise eine Länge von mindestens 150 bis 4000 bp, insbesondere eine Länge von 450 bis 3500 bp auf.

45 Mit den erfindungsgemäßen Teilsequenzen Seq. ID Nos. 14-18, 30, 31 können gemäß gängiger Verfahrenspraxis auch Expressionskassetten konstruiert werden, wobei auf der Kassette mindestens eine der erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen zusammen mit mindestens einer dem Fachmann allgemein bekannten Kontroll- oder regulatorischen Sequenz, wie z. B. einem geeigneten Promotor, kombiniert wird. Die erfindungsgemäßen Sequenzen können in sense oder antisense Orientierung eingefügt sein.

50 In der Literatur sind eine große Anzahl von Expressionskassetten bzw. Vektoren und Promotoren bekannt, die verwendet werden können.

Unter Expressionskassetten bzw. Vektoren sind zu verstehen: 1. bakterielle, wie z. B., phagescript, pBs, φX174, pBluescript SK, pBs KS, pNH₅, pNH16a, pNH18a, pNH46a (Stratagene), pTrc99A, pKK223-3, pKK233-3, pDR540, pRIT5 (Pharmacia), 2. eukaryontische, wie z. B. pWLneo, pSV2cat, pOG44, pXT1, pSG (Stratagene), pSVK3, pBPV, pMSG, pSVL (Pharmacia).

Unter Kontroll- oder regulatorischer Sequenz sind geeignete Promotoren zu verstehen. Hierbei sind zwei bevorzugte Vektoren der pKK232-8 und der PCM7 Vektor. Im einzelnen sind folgende Promotoren gemeint: lacI, lacZ, T3, T7, gpt, lambda PR, trc, CMV, HSV Thymidin-Kinase, SV40, LTRs aus Retrovirus und Maus Metallothionein-I.

Die auf der Expressionskassette befindlichen DNA-Sequenzen können ein Fusionsprotein kodieren, das ein bekanntes Protein und ein biologisch aktives Polypeptid-Fragment umfaßt.

Die Expressionskassetten sind ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Fragmente können zur Herstellung von Vollängen-Genen verwendet werden. Die erhältlichen Gene sind ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

Die Erfindung betrifft auch die Verwendung der erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen, sowie die aus der Verwendung erhältlichen Gen-Fragmente.

Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen können mit geeigneten Vektoren in Wirtszellen gebracht werden, in denen als heterologer Teil die auf den Nukleinsäure-Fragmenten enthaltene genetischen Information befindet, die exprimiert wird.

Die die Nukleinsäure-Fragmente enthaltenden Wirtszellen sind ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

Geeignete Wirtszellen sind z. B. prokaryontische Zellsysteme wie E. coli oder eukaryontische Zellsysteme wie tierische oder humane Zellen oder Hefen.

Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen können in sense oder antisense Form verwendet werden.

Die Herstellung der Polypeptide oder deren Fragment erfolgt durch Kultivierung der Wirtszellen gemäß gängiger Kultivierungsmethoden und anschließender Isolierung und Aufreinigung der Peptide bzw. Fragmente, ebenfalls mittels gängiger Verfahren.

Die Erfindung betrifft ferner Nukleinsäure-Sequenzen, die mindestens eine Teilsequenz eines biologisch aktiven Polypeptids kodieren.

Ferner betrifft die vorliegende Erfindung Polypeptid-Teilsequenzen, sogenannte ORF (open-reading-frame)-Peptide, gemäß den Sequenzprotokollen ORF ID Nos 32 - 51.

Die Erfindung betrifft ferner die Polypeptid-Sequenzen, die mindestens eine 80%ige Homologie, insbesondere eine 90%ige Homologie zu den erfindungsgemäßen Polypeptid-Teilsequenzen der ORF. ID Nos. 32-51 aufweisen.

Die Erfindung betrifft auch Antikörper, die gegen ein Polypeptid oder Fragment davon gerichtet sind, welche den erfindungsgemäßen Nukleinsäuren der Sequenzen Seq. ID No. 1-31 kodiert werden.

- 5 Unter Antikörper sind insbesondere monoklonale Antikörper und Phage-Display Antikörper zu verstehen.

Die erfindungsgemäßen Polypeptide der Sequenzen ORF ID Nos. 32 - 51 können auch als Tool zum Auffinden von Wirkstoffen gegen das Uteruskarzinom verwendet werden, 10 was ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung ist.

Ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung ist die Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen gemäß den Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 103 zur Expression von Polypeptiden, die als Tools zum Auffinden von Wirkstoffen gegen das 15 Uteruskarzinom verwendet werden können.

Die Erfindung betrifft auch die Verwendung der gefundenen Polypeptid-Teilsequenzen ORF. ID No. 32 bis Seq. ID No. 51 als Arzneimittel in der Gentherapie zur Behandlung gegen das Uteruskarzinom, bzw. zur Herstellung eines Arzneimittels zur Behandlung gegen das Uteruskarzinom.

Die Erfindung betrifft auch Arzneimittel, die mindestens eine Polypeptid-Teilsequenz ORF. ID No. 32 bis 51 enthalten.

- 25 Die gefundenen erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen können auch genomische oder mRNA-Sequenzen sein.

Die Erfindung betrifft auch genomische Gene, ihre Exon- und Intronstruktur und deren 30 Spleißvarianten, erhältlich aus den cDNAs der Sequenzen Seq. ID No. 1-31, sowie deren Verwendung zusammen mit geeigneten regulativen Elementen, wie geeigneten Promotoren und/ oder Enhancern.

Mit den erfindungsgemäßen Nukleinsäuren (cDNA-Sequenzen) Seq. ID. No. 1-31 werden 35 genomische BAC-, PAC- und Cosmid-Bibliotheken gescreent und über komplementäre Basenpaarung (Hybridisierung) spezifisch humane Klone isoliert. Die so isolierten BAC-, PAC- und Cosmid-Klone werden mit Hilfe der Fluoreszenz-in-situ-Hybridisation auf Metaphasenchromosomen hybridisiert und entsprechende Chromosomenabschnitte identifiziert, auf denen die entsprechenden genetischen 40 Gene liegen. BAC-, PAC- und Cosmid-Klone werden sequenziert, um die entsprechenden genetischen Gene in ihrer vollständigen Struktur (Promotoren, Enhancer, Silencer, Exons und Introns) aufzuklären. BAC-, PAC- und Cosmid-Klone können als eigenständige Moleküle für den Gentransfer eingesetzt werden (s. Fig. 5).

Die Erfindung betrifft auch BAC-, PAC- und Cosmid-Klone, enthaltend funktionelle Gene 45 und ihre chromosomal Lokalisation, entsprechend den Sequenzen Seq. ID. No. 1-31, zur Verwendung als Vehikel zum Gentransfer.

Bedeutung von Begriffen und Abkürzungen

- 5 Nukleinsäuren= Unter Nukleinsäuren sind in der voliegenden Erfindung zu verstehen: mRNA, partielle cDNA, vollängen cDNA und genomische Gene (Chromosomen).
- 10 ORF = Open Reading Frame, eine definierte Abfolge von Aminosäuren, die von der cDNA-Sequenz abgeleitet werden kann.
- 15 Contig = eine Menge von DNA-Sequenzen, die aufgrund sehr großer Ähnlichkeiten zu einer Sequenz zusammengefaßt werden können (Consensus)
- Singleton= ein Contig, der nur eine Sequenz enthält

Erklärung zu den Alignmentparametern

- minimal initial match= minimaler anfänglicher Identitätsbereich
- maximum pads per read= maximale Anzahl von Insertionen
- 25 maximum percent mismatch= maximale Abweichung in %

Erklärung der Abbildungen

- 30 Fig. 1 zeigt die systematische Gen-Suche in der Incyte LifeSeq Datenbank.
- Fig. 2a zeigt das Prinzip der EST-Assemblierung
- 35 Fig. 2b1-2b4 zeigt das gesamte Prinzip der EST-Assemblierung
- Fig. 3 zeigt die in silico Subtraktion der Genexpression in verschiedenen Geweben
- 40 Fig. 4a zeigt die Bestimmung der gewebsspezifischen Expression über elektronischen Northern.
- Fig. 4b zeigt den elektronischen Northern
- 45 Fig. 5 zeigt die Isolierung von genomischen BAC- und PAC-Klonen.

Die nachfolgenden Beispiele erläutern die Herstellung der erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen, ohne die Erfindung auf diese Beispiele und Nukleinsäure-Sequenzen zu beschränken.

5

B Beispiel 1

Suche nach Tumor-bezogenen Kandidatengenen

10 Zuerst wurden sämtliche ESTs des entsprechenden Gewebes aus der LifeSeq-Datenbank (vom Oktober 1997) extrahiert. Diese wurden dann mittels des Programms GAP4 des Staden-Pakets mit den Parametern 0% mismatch, 8 pads per read und einem minimalen match von 20 assembliert. Die nicht in die GAP4-Datenbank aufgenommenen Sequenzen (Fails) wurden erst bei 1% mismatch und dann nochmals bei 2% mismatch mit der Datenbank assembliert. Aus den Contigs der Datenbank, die aus mehr als einer Sequenz bestanden, wurden Consensussequenzen errechnet. Die Singletons der Datenbank, die nur aus einer Sequenz bestanden, wurden mit den nicht in die GAP4-Datenbank aufgenommenen Sequenzen bei 2% mismatch erneut assembliert. Wiederum wurden für die Contigs die Consensussequenzen ermittelt. Alle übrigen ESTs wurden bei 4% mismatch erneut assembliert. Die Consensussequenzen wurden abermals extrahiert und mit den vorherigen Consensussequenzen sowie den Singletons und den nicht in die Datenbank aufgenommenen Sequenzen abschließend bei 4% mismatch assembliert. Die Consensussequenzen wurden gebildet und mit den Singletons und Fails als Ausgangsbasis für die Gewebsvergleiche verwendet. Durch diese Prozedur konnte sichergestellt werden, daß unter den verwendeten Parametern sämtliche Sequenzen von einander unabhängige Genbereiche darstellten.

30 Fig. 2b1-2b4 veranschaulicht die Verlängerung der Uterusmyomgewebe ESTs.

35 Die so assemblierten Sequenzen der jeweiligen Gewebe wurden anschließend mittels des gleichen Programms miteinander verglichen (Fig. 3). Hierzu wurden erst alle Sequenzen des ersten Gewebes in die Datenbank eingegeben. (Daher war es wichtig, daß diese voneinander unabhängig waren.)

40 Dann wurden alle Sequenzen des zweiten Gewebes mit allen des ersten verglichen. Das Ergebnis waren Sequenzen, die für das erste bzw. das zweite Gewebe spezifisch waren, sowie welche, die in beiden vorkamen. Bei Letzteren wurde das Verhältnis der Häufigkeit des Vorkommens in den jeweiligen Geweben ausgewertet. Sämtliche, die Auswertung der assemblierten Sequenzen betreffenden Programme, wurden selbst entwickelt.

45 Alle Sequenzen, die mehr als viermal in jeweils einem der verglichenen Gewebe vorkamen, sowie alle, die mindestens fünfmal so häufig in einem der beiden Gewebe vorkamen wurden weiter untersucht. Diese Sequenzen wurden einem elektronischen Northern (s. Beispiel 2.1) unterzogen, wodurch die Verteilung in sämtlichen Tumor- und Normal-Geweben untersucht wurde (s. Fig. 4a und Fig. 4b). Die relevanten Kandidaten wurden dann mit Hilfe sämtlicher Incyte ESTs und allen ESTs öffentlicher Datenbanken verlängert (s. Beispiel 3). Anschließend wurden die Sequenzen und ihre Übersetzung in mögliche Proteine mit allen Nukleotid- und Proteindatenbanken verglichen, sowie auf mögliche, für Proteine kodierende Regionen untersucht.

Bispiel 2

Algorithmus zur Identifikation und Verlängerung von partiellen cDNA-Sequenzen mit verändertem Expressionsmuster

5 Im folgenden soll ein Algorithmus zur Auffindung über- oder unterexprimierter Gene erläutert werden. Die einzelnen Schritte sind der besseren Übersicht halber auch in einem Flußdiagramm zusammengefaßt (s. Fig. 4b).

10

2.1 Elektronischer Northern-Blot

Zu einer partiellen DNA-Sequenz S, z. B. einem einzelnen EST oder einem Contig von ESTs, werden mittels eines Standardprogramms zur Homologiesuche, z. B. BLAST (Altschul, S. F., Gish W., Miller, W., Myers, E. W. und Lipman, D. J. (1990) *J. Mol. Biol.*, **215**, 403-410), BLAST2 (Altschul, S. F., Madden, T. L., Schäffer, A. A., Zhang, J., Zhang, Z., Miller, W. und Lipman, D. J. (1997) *Nucleic Acids Research* **25** 3389-3402) oder FASTA (Pearson, W. R. und Lipman, D. J. (1988) *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* **85** 2444-2448), die homologen Sequenzen in verschiedenen nach Geweben geordneten (privaten oder öffentlichen) EST-Bibliotheken bestimmt. Die dadurch ermittelten (relativen oder absoluten) Gewebe-spezifischen Vorkommenshäufigkeiten dieser Partial-Sequenz S werden als elektronischer Northern-Blot bezeichnet.

25 2.1.1

Analog der unter 2.1 beschriebenen Verfahrensweise wurde die Sequenz Seq. ID No. 30 gefunden, die häufiger im Uterusmyomgewebe als im Normalgewebe vorkommt.

30 Das Ergebnis ist wie folgt:

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 30

	NORMAL	TUMOR	Verhältnisse
	% Häufigkeit	% Häufigkeit	N/T T/N
Blase	0.0078	0.0000	undef 0.0000
Brust	0.0013	0.0000	undef 0.0000
Duenn darm	0.0092	0.0000	undef 0.0000
Eierstock	0.0000	0.0000	undef undef
Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0000	undef 0.0000
Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef 0.0000
Gehirn	0.0000	0.0000	undef undef
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef undef
Haut	0.0000	0.0000	undef undef
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef undef
Herz	0.0011	0.0000	undef 0.0000
Hoden	0.0000	0.0000	undef undef
Lunge	0.0010	0.0000	undef 0.0000
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef undef
Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef undef
Niere	0.0000	0.0000	undef undef
Pankreas	0.0000	0.0000	undef undef
Penis	0.0000	0.0000	undef undef
Prostata	0.0109	0.0021	5.1181 0.1954
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef undef
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0340	0.0000 undef
Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef 0.0000

	Brust-Hyperpl	0.0000
	Prostata-Hyperpl	0.0000
	Samenblase	0.0089
	Sinnesorgane	0.0000
5	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000
	Zervix	0.0000
	FOETUS	
10	%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
15	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefaesse	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
20	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
25	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
	Brust	0.0000
30	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
35	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0000
	Prostata	0.0068
40	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0000

45 2.1.2

Analog der unter 2.1 beschriebenen Verfahrensweise wurde die Sequenz Seq. ID No. 31 gefunden, die häufiger im Uterusmyomgewebe als im Normalgewebe vorkommt.

50 Das Ergebnis ist wie folgt:

Elektronischer Nachbericht für SEQ. ID. NO: 31

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Vermaeltnisse N/T T/N
5	Blase 0.0000	0.0051	0.0000 undef
	Brust 0.0038	0.0019	2.0416 0.4898
	Duenndarm 0.0031	0.0000	undef 0.0000
	Eierstock 0.0030	0.0104	0.2878 3.4745
10	Endokrines_Gewebe 0.0034	0.0100	0.3396 2.9444
	Gastrointestinal 0.0057	0.0046	1.2425 0.8048
	Gehirn 0.0111	0.0051	2.1599 0.4630
	Haematopoetisch 0.0040	0.0000	undef 0.0000
	Haut 0.0000	0.0000	undef undef
	Hepatisch 0.0048	0.0000	undef 0.0000
15	Herz 0.0095	0.0000	undef 0.0000
	Hoden 0.0058	0.0000	undef 0.0000
	Lunge 0.0042	0.0102	0.4064 2.4605
	Magen-Speiseroehr 0.0000	0.0000	undef undef
20	Muskel-Skelett 0.0034	0.0060	0.5711 1.7510
	Niere 0.0163	0.0068	2.3791 0.4203
	Pankreas 0.0017	0.0000	undef 0.0000
	Penis 0.0090	0.0000	undef 0.0000
	Prostata 0.0022	0.0021	1.0236 0.9769
25	Uterus_Endometrium 0.0135	0.0000	undef 0.0000
	Uterus_Myometrium 0.0000	0.0340	0.0000 undef
	Uterus_allgemein 0.0000	0.0000	undef undef
	Brust-Hyperplasie 0.0224		
	Prostata-Hyperplasie 0.0030		
	Samenblase 0.0089		
	Sinnesorgane 0.0000		
30	Weisse_Blutkoerperchen 0.0061		
	Zervix 0.0213		

	FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0000
	Gastrointenstinal 0.0028
	Gehirn 0.0125
40	Haematopoetisch 0.0000
	Haut 0.0000
	Hepatisch 0.0000
	Herz-Blutgefaesse 0.0036
	Lunge 0.0036
45	Nebenniere 0.0254
	Niere 0.0062
	Placenta 0.0303
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0126

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
55	Brust 0.0000
	Eierstock_n 0.0000
	Eierstock_t 0.0000
	Endokrines_Gewebe 0.0000
	Foetal 0.0000
60	Gastrointestinal 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000
	Haut-Muskel 0.0000
	Hoden 0.0000
	Lunge 0.0082
	Nerven 0.0000
65	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000
	Uterus_n 0.0000

70 In analoger Verfahrensweise wurden auch folgende Northerns gefunden:

Elektronischer Nort für SEQ. ID. NO: 1

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blase 0.0468	0.0562	0.8321 1.2018
	Brust 0.0576	0.0752	0.7656 1.3062
	Duenndarm 0.0766	0.0662	1.1586 0.8631
	Eierstock 0.0509	0.0650	0.7829 1.2774
10	Endokrines_Gewebe 0.0596	0.0702	0.8491 1.1778
	Gastrointestinal 0.0690	0.1203	0.5735 1.7438
	Gehirn 0.0850	0.0873	0.9741 1.0266
	Haematopoetisch 0.0722	0.0379	1.9056 0.5248
	Haut 0.0918	0.0000	undef 0.0000
15	Hepatisch 0.0143	0.1100	0.1298 7.7066
	Herz 0.1123	0.0275	4.0862 0.2447
	Hoden 0.0518	0.0819	0.6325 1.5809
	Lunge 0.1080	0.0879	1.2287 0.8138
20	Magen-Speiseroehre 0.0676	0.0307	2.2059 0.4533
	Muskel-Skelett 0.0737	0.0780	0.9445 1.0587
	Niere 0.0407	0.0890	0.4575 2.1857
	Pankreas 0.0463	0.0552	0.8376 1.1939
	Penis 0.0449	0.0000	undef 0.0000
	Prostata 0.0436	0.0554	0.7874 1.2700
25	Uterus_Endometrium 0.0338	0.0000	undef 0.0000
	Uterus_Myometrium 0.0534	0.1426	0.3741 2.6732
	Uterus_allgemein 0.0255	0.0000	undef 0.0000
	Brust-Hyperplasie 0.0863		
	Prostata-Hyperplasie 0.0535		
	Samenblase 0.0890		
	Sinnesorgane 0.0588		
30	Weisse_Blutkoerperchen 0.0772		
	Zervix 0.1171		

	FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0139
	Gastrointenstinal 0.0583
40	Gehirn 0.0500
	Haematopoetisch 0.0590
	Haut 0.0000
	Hepatisch 0.0000
45	Herz-Blutgefaesse 0.0462
	Lunge 0.0578
	Nebenniere 0.0254
	Niere 0.0679
	Placenta 0.0545
	Prostata 0.2493
	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
55	Brust 0.0204	
	Eierstock_n 0.1595	
	Eierstock_t 0.0051	
	Endokrines_Gewebe 0.0000	
	Foetal 0.0256	
60	Gastrointestinal 0.0488	
	Haematopoetisch 0.0000	
	Haut-Muskel 0.0227	
	Hoden 0.0154	
	Lunge 0.0082	
65	Nerven 0.0191	
	Prostata 0.0068	
	Sinnesorgane 0.0000	
	Uterus_n 0.0000	

Elektronischer Nachnamen für SEQ. ID. NO: 2

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blase 0.0039	0.0102	0.3814 2.6222
	Brust 0.0128	0.0038	3.4026 0.2939
	Duenndarm 0.0031	0.0165	0.1854 5.3946
	Eierstock 0.0000	0.0000	undef undef
10	Endokrines_Gewebe 0.0017	0.0075	0.2264 4.4166
	Gastrointestinal 0.0019	0.0093	0.2071 4.8289
	Gehirn 0.0022	0.0103	0.2160 4.6299
	Haematopoetisch 0.0040	0.0000	undef 0.0000
	Haut 0.0000	0.0000	undef undef
15	Hepatisch 0.0000	0.0065	0.0000 undef
	Herz 0.0011	0.0137	0.0771 12.9706
	Hoden 0.0058	0.0000	undef 0.0000
	Lunge 0.0021	0.0082	0.2540 3.9367
20	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef undef
	Muskel-Skelett 0.0000	0.0120	0.0000 undef
	Niere 0.0054	0.0000	undef 0.0000
	Pankreas 0.0000	0.0055	0.0000 undef
	Penis 0.0030	0.0000	undef 0.0000
	Prostata 0.0000	0.0021	0.0000 undef
25	Uterus_Endometrium 0.0000	0.0528	0.0000 undef
	Uterus_Myometrium 0.0000	0.0408	0.0000 undef
	Uterus_allgemein 0.0051	0.0954	0.0534 18.7357
30	Brust-Hyperplasie 0.0064		
	Prostata-Hyperplasie 0.0000		
	Samenblase 0.0089		
	Sinnesorgane 0.0000		
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0009		
	Zervix 0.0000		

	FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0974
	Gastrointenstinal 0.0333
	Gehirn 0.0063
40	Haematopoetisch 0.0157
	Haut 0.0000
	Hepatisch 0.0000
	Herz-Blutgefaesse 0.0249
	Lunge 0.0325
45	Nebenniere 0.0761
	Niere 0.0618
	Placenta 0.0727
	Prostata 0.0249
	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
55	Brust 0.0000
	Eierstock_n 0.0000
	Eierstock_t 0.0000
	Endokrines_Gewebe 0.0000
	Foetal 0.0384
60	Gastrointestinal 0.0122
	Haematopoetisch 0.0000
	Haut-Muskel 0.0259
	Hoden 0.0000
	Lunge 0.0328
	Nerven 0.0171
65	Prostata 0.0137
	Sinnesorgane 0.0000
	Uterus_n 0.0083

Elektronischer Notfall für SEQ. ID. NO: 3

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse
5	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T T/N
	Blase 0.0000	0.0000	undef undef
	Brust 0.0000	0.0000	undef undef
	Duenndarm 0.0000	0.0000	undef undef
	Eierstock 0.0000	0.0000	undef undef
10	Endokrines_Gewebe 0.0000	0.1103	0.0000 undef
	Gastrointestinal 0.0000	0.0000	undef undef
	Gehirn 0.0140	0.0010	13.6792 0.0731
	Haematopoetisch 0.0000	0.0000	undef undef
	Haut 0.0000	0.0000	undef undef
15	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef undef
	Herz 0.0000	0.0000	undef undef
	Hoden 0.0000	0.0000	undef undef
	Lunge 0.0000	0.0000	undef undef
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef undef
20	Muskel-Skelett 0.0000	0.0000	undef undef
	Niere 0.0000	0.0000	undef undef
	Pankreas 0.0000	0.0000	undef undef
	Penis 0.0000	0.0000	undef undef
	Prostata 0.0000	0.0000	undef undef
25	Uterus_Endometrium 0.0000	0.0000	undef undef
	Uterus_Myometrium 0.0000	0.0815	0.0000 undef
	Uterus_allgemein 0.0000	0.0000	undef undef
	Brust-Hyperplasie 0.0000		
	Prostata-Hyperplasie 0.0030		
	Samenblase 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		
30	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000		
	Zervix 0.0000		

	FOETUS	%Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0000	
	Gastrointenstinal 0.0028	
40	Gehirn 0.0000	
	Haematopoetisch 0.0000	
	Haut 0.0000	
	Hepatisch 0.0000	
	Herz-Blutgefaesse 0.0000	
45	Lunge 0.0000	
	Nebenniere 0.0000	
	Niere 0.0000	
	Placenta 0.0000	
	Prostata 0.0000	
	Sinnesorgane 0.0000	

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
55	Brust 0.0000	
	Eierstock_n 0.0000	
	Eierstock_t 0.0000	
	Endokrines_Gewebe 0.0000	
	Foetal 0.0000	
60	Gastrointestinal 0.0000	
	Haematopoetisch 0.0000	
	Haut-Muskel 0.0000	
	Hoden 0.0000	
	Lunge 0.0000	
65	Nerven 0.0090	
	Prostata 0.0137	
	Sinnesorgane 0.0000	
	Uterus_n 0.0000	

Elektronischer Nern für SEQ. ID. NO: 4

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blase 0.0078	0.0077	1.0170 0.9833
	Brust 0.0026	0.0038	0.6805 1.4694
	Duenndarm 0.0031	0.0165	0.1854 5.3946
	Eierstock 0.0060	0.0026	2.3025 0.4343
10	Endokrines_Gewebe 0.0000	0.0000	undef undef
	Gastrointestinal 0.0000	0.0046	0.0000 undef
	Gehirn 0.0007	0.0031	0.2400 4.1669
	Haematopoetisch 0.0000	0.0000	undef undef
	Haut 0.0000	0.1695	0.0000 undef
15	Hepatisch 0.0000	0.0065	0.0000 undef
	Herz 0.0095	0.0412	0.2313 4.3235
	Hoden 0.0000	0.0000	undef undef
	Lunge 0.0021	0.0041	0.5080 1.9684
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0077	0.0000 undef
20	Muskel-Skelett 0.0017	0.0120	0.1428 7.0040
	Niere 0.0027	0.0000	undef 0.0000
	Pankreas 0.0033	0.0055	0.5983 1.6714
	Penis 0.0030	0.0000	undef 0.0000
	Prostata 0.0000	0.0021	0.0000 undef
25	Uterus_Endometrium 0.0068	0.0000	undef 0.0000
	Uterus_Myometrium 0.0152	0.0883	0.1727 5.7919
	Uterus_allgemein 0.0051	0.0000	undef 0.0000
	Brust-Hyperplasie 0.0032		
	Prostata-Hyperplasie 0.0030		
	Samenblase 0.0000		
30	Sinnesorgane 0.0118		
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000		
	Zervix 0.0000		

	FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0278
	Gastrointenstinal 0.0139
	Gehirn 0.0000
40	Haematopoetisch 0.0000
	Haut 0.0000
	Hepatisch 0.0000
	Herz-Blutgefaesse 0.0213
	Lunge 0.0253
45	Nebenniere 0.0000
	Niere 0.0185
	Placenta 0.0061
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit	
55	Brust 0.0068	
	Eierstock_n 0.0000	
	Eierstock_t 0.0000	
	Endokrines_Gewebe 0.0000	
	Foetal 0.0093	
60	Gastrointestinal 0.0122	
	Haematopoetisch 0.0000	
	Haut-Muskel 0.0130	
	Hoden 0.0000	
	Lunge 0.0000	
	Nerven 0.0000	
65	Prostata 0.0000	
	Sinnesorgane 0.0000	
	Uterus_n 0.0000	

Elektronischer Notfallbericht für SEQ. ID. NO: 5

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blase 0.0390	0.0332	1.1734 0.8522
	Brust 0.0345	0.0414	0.8352 1.1973
	Duenndarm 0.0399	0.0662	0.6024 1.6599
	Eierstock 0.0359	0.0546	0.6579 1.5201
10	Endokrines_Gewebe 0.0528	0.0351	1.5040 0.6649
	Gastrointestinal 0.0172	0.0185	0.9319 1.0731
	Gehirn 0.0214	0.0359	0.5965 1.6763
	Haematopoetisch 0.0294	0.0379	0.7763 1.2881
	Haut 0.0257	0.1695	0.1516 6.5954
15	Hepatisch 0.0476	0.0323	1.4706 0.6800
	Herz 0.0276	0.0000	undef 0.0000
	Hoden 0.0633	0.0234	2.7059 0.3696
	Lunge 0.0312	0.0266	1.1724 0.8530
20	Magen-Speiseroehre 0.0387	0.0153	2.5211 0.3967
	Muskel-Skelett 0.0308	0.0360	0.8567 1.1673
	Niere 0.0326	0.0548	0.5948 1.6813
	Pankreas 0.0132	0.0221	0.5983 1.6714
	Penis 0.0479	0.0000	undef 0.0000
	Prostata 0.0153	0.0319	0.4777 2.0934
25	Uterus_Endometrium 0.0473	0.0528	0.8962 1.1158
	Uterus_Myometrium 0.0305	0.1019	0.2993 3.3415
	Uterus_allgemein 0.0560	0.1908	0.2936 3.4065
30	Brust-Hyperplasie 0.0448		
	Prostata-Hyperplasie 0.0446		
	Samenblase 0.1513		
	Sinnesorgane 0.0235		
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0061		
	Zervix 0.0426		

	FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0974
	Gastrointenstinal 0.0222
	Gehirn 0.0000
40	Haematopoetisch 0.0197
	Haut 0.0000
	Hepatisch 0.0000
	Herz-Blutgefaesse 0.0356
	Lunge 0.0325
45	Nebenniere 0.0000
	Niere 0.0185
	Placenta 0.0909
	Prostata 0.1496
	Sinnesorgane 0.0126

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
55	Brust 0.0136
	Eierstock_n 0.0000
	Eierstock_t 0.0051
	Endokrines_Gewebe 0.0000
	Foetal 0.0099
60	Gastrointestinal 0.0122
	Haematopoetisch 0.0000
	Haut-Muskel 0.0324
	Hoden 0.0231
	Lunge 0.0328
	Nerven 0.0131
65	Prostata 0.0068
	Sinnesorgane 0.0077
	Uterus_n 0.0208

Elektronischer Number für SEQ. ID. NO: 6

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blase 0.0429	0.1278	0.3356 2.9798
	Brust 0.1036	0.1203	0.8613 1.1610
	Duenndarm 0.0215	0.0992	0.2163 4.6240
	Eierstock 0.0599	0.0702	0.8528 1.1726
10	Endokrines_Gewebe 0.0783	0.0426	1.8380 0.5441
	Gastrointestinal 0.0249	0.0786	0.3167 3.1574
	Gehirn 0.0429	0.1284	0.3341 2.9935
	Haematopoetisch 0.0227	0.1136	0.2000 5.0008
	Haut 0.0844	0.1695	0.4982 2.0073
15	Hepatisch 0.0523	0.0712	0.7353 1.3600
	Herz 0.0922	0.1649	0.5590 1.7890
	Hoden 0.0460	0.0585	0.7872 1.2704
	Lunge 0.0447	0.0797	0.5601 1.7853
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0537	0.0000 undef
20	Muskel-Skelett 0.1490	0.1380	1.0801 0.9258
	Niere 0.0489	0.0479	1.0196 0.9808
	Pankreas 0.0149	0.1049	0.1417 7.0571
	Penis 0.0509	0.1333	0.3819 2.6187
	Prostata 0.0196	0.0319	0.6142 1.6282
25	Uterus_Endometrium 0.0676	0.1583	0.4268 2.3432
	Uterus_Myometrium 0.0381	0.3260	0.1169 8.5541
	Uterus_allgemein 0.0560	0.0000	undef 0.0000
	Brust-Hyperplasie 0.0863		
	Prostata-Hyperplasie 0.0297		
	Samenblase 0.0089		
30	Sinnesorgane 0.0353		
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0078		
	Zervix 0.0213		

	FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.1670
	Gastrointenstinal 0.1444
	Gehirn 0.0125
40	Haematopoetisch 0.0629
	Haut 0.0000
	Hepatisch 0.0000
	Herz-Blutgefaesse 0.0889
	Lunge 0.0759
45	Nebenniere 0.2535
	Niere 0.1112
	Placenta 0.1091
	Prostata 0.1247
	Sinnesorgane 0.1004

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit	
55	Brust 0.0476	
	Eierstock_n 0.1595	
	Eierstock_t 0.0203	
	Endokrines_Gewebe 0.0000	
	Foetal 0.0379	
60	Gastrointestinal 0.0122	
	Haematopoetisch 0.0000	
	Haut-Muskel 0.0486	
	Hoden 0.0077	
	Lunge 0.0164	
	Nerven 0.0251	
65	Prostata 0.0068	
	Sinnesorgane 0.0155	
	Uterus_n 0.0167	

Elektronischer Notfallbericht für SEQ. ID. NO: 7

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blase 0.0117	0.0051	2.2882 0.4370
	Brust 0.0128	0.0075	1.7013 0.5878
	Duenndarm 0.0153	0.0331	0.4634 2.1579
	Eierstock 0.0150	0.0104	1.4391 0.6949
10	Endokrines_Gewebe 0.0085	0.0050	1.6981 0.5889
	Gastrointestinal 0.0096	0.0278	0.3451 2.8974
	Gehirn 0.0059	0.0113	0.5236 1.9098
	Haematopoetisch 0.0254	0.0000	undef 0.0000
	Haut 0.0257	0.0000	undef 0.0000
15	Hepatisch 0.0143	0.0194	0.7353 1.3600
	Herz 0.0106	0.0000	undef 0.0000
	Hoden 0.0058	0.0234	0.2460 4.0652
	Lunge 0.0104	0.0245	0.4234 2.3620
20	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef undef
	Muskel-Skelett 0.0051	0.0360	0.1428 7.0040
	Niere 0.0244	0.0068	3.5687 0.2802
	Pankreas 0.0083	0.0000	undef 0.0000
	Penis 0.0180	0.0000	undef 0.0000
	Prostata 0.0218	0.0064	3.4121 0.2931
25	Uterus_Endometrium 0.0135	0.0000	undef 0.0000
	Uterus_Myometrium 0.0000	0.0408	0.0000 undef
	Uterus_allgemein 0.0000	0.0000	undef undef
	Brust-Hyperplasie 0.0192		
	Prostata-Hyperplasie 0.0030		
	Samenblase 0.0089		
	Sinnesorgane 0.0235		
30	Weisse_Blutkoerperchen 0.0208		
	Zervix 0.0213		

	FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0278
	Gastrointestinal 0.0083
	Gehirn 0.0125
40	Haematopoetisch 0.0000
	Haut 0.0000
	Hepatisch 0.0000
	Herz-Blutgefaesse 0.0071
	Lunge 0.0036
45	Nebenniere 0.0000
	Niere 0.0309
	Placenta 0.0061
	Prostata 0.0249
	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
55	Brust 0.0000
	Eierstock_n 0.0000
	Eierstock_t 0.0101
	Endokrines_Gewebe 0.0245
	Foetal 0.0093
60	Gastrointestinal 0.0122
	Haematopoetisch 0.0342
	Haut-Muskel 0.0097
	Hoden 0.0154
	Lunge 0.0082
	Nerven 0.0080
65	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000
	Uterus_n 0.0042

Elektronischer Nachschern für SEQ. ID. NO: 8

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blase 0.0312	0.0460	0.6780 1.4750
	Brust 0.0192	0.0282	0.6805 1.4694
	Duenndarm 0.0368	0.0000	undef 0.0000
	Eierstock 0.0210	0.0364	0.5756 1.7372
10	Endokrines_Gewebe 0.0290	0.0326	0.8882 1.1258
	Gastrointestinal 0.0460	0.0231	1.9880 0.5030
	Gehirn 0.0532	0.0585	0.9094 1.0996
	Haematopoetisch 0.0361	0.0379	0.9528 1.0496
	Haut 0.0367	0.0000	undef 0.0000
15	Hepatisch 0.0048	0.0647	0.0735 13.5999
	Herz 0.0699	0.0412	1.6961 0.5896
	Hoden 0.0288	0.4210	0.0683 14.6349
	Lunge 0.0343	0.0368	0.9314 1.0737
20	Magen-Speiseroehe 0.0773	0.0230	3.3614 0.2975
	Muskel-Skelett 0.0497	0.0660	0.7528 1.3283
	Niere 0.0353	0.1575	0.2241 4.4619
	Pankreas 0.0165	0.0939	0.1760 5.6828
	Penis 0.0299	0.0267	1.1232 0.8903
	Prostata 0.0196	0.0298	0.6580 1.5197
25	Uterus_Endometrium 0.0270	0.1583	0.1707 5.8579
	Uterus_Myometrium 0.0229	0.0679	0.3367 2.9702
	Uterus_allgemein 0.0051	0.0954	0.0534 18.7357
	Brust-Hyperplasie 0.0192		
	Prostata-Hyperplasie 0.0505		
	Samenblase 0.0890		
30	Sinnesorgane 0.0353		
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0399		
	Zervix 0.0319		

	FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0417
	Gastrointestinal 0.0333
	Gehirn 0.0313
40	Haematopoetisch 0.0197
	Haut 0.0000
	Hepatisch 0.0000
	Herz-Blutgefaesse 0.0783
	Lunge 0.0217
45	Nebenniere 0.0507
	Niere 0.0309
	Placenta 0.0727
	Prostata 0.0997
	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit	
55	Brust 0.0000	
	Eierstock_n 0.0000	
	Eierstock_t 0.0152	
	Endokrines_Gewebe 0.0000	
	Foetal 0.0082	
60	Gastrointestinal 0.0244	
	Haematopoetisch 0.0057	
	Haut-Muskel 0.0032	
	Hoden 0.0077	
	Lunge 0.0082	
	Nerven 0.0141	
65	Prostata 0.0000	
	Sinnesorgane 0.0310	
	Uterus_n 0.0125	

Elektronischer Nort

für SEQ. ID. NO: 9

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blase 0.0468	0.0204	2.2882 0.4370
	Brust 0.0205	0.0451	0.4537 2.2042
	Duenndarm 0.0307	0.0331	0.9268 1.0789
	Eierstock 0.0539	0.0468	1.1513 0.8686
10	Endokrines_Gewebe 0.0562	0.0527	1.0674 0.9369
	Gastrointestinal 0.0249	0.0324	0.7692 1.3001
	Gehirn 0.0333	0.0318	1.0451 0.9568
	Haematopoetisch 0.0388	0.0379	1.0234 0.9772
	Haut 0.0257	0.1695	0.1516 6.5954
15	Hepatisch 0.0095	0.0259	0.3676 2.7200
	Herz 0.0540	0.0000	undef 0.0000
	Hoden 0.0173	0.0702	0.2460 4.0652
	Lunge 0.0291	0.0491	0.5927 1.6872
20	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0230	0.0000 undef
	Muskel-Skelett 0.0206	0.1140	0.1803 5.5448
	Niere 0.0733	0.0274	2.6765 0.3736
	Pankreas 0.0264	0.0331	0.7977 1.2536
	Penis 0.0269	0.0533	0.5054 1.9786
	Prostata 0.0501	0.0341	1.4715 0.6796
25	Uterus_Endometrium 0.0541	0.2639	0.2049 4.8816
	Uterus_Myometrium 0.0152	0.0611	0.2494 4.0097
	Uterus_allgemein 0.0204	0.0000	undef 0.0000
	Brust-Hyperplasie 0.0512		
	Prostata-Hyperplasie 0.0386		
	Samenblase 0.0623		
	Sinnesorgane 0.0470		
30	Weisse_Blutkoerperchen 0.0286		
	Zervix 0.0426		

	FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0557
	Gastrointenstinal 0.0666
40	Gehirn 0.0626
	Haematopoetisch 0.0786
	Haut 0.0000
	Hepatisch 0.0260
45	Herz-Blutgefaesse 0.0818
	Lunge 0.0867
	Nebenniere 0.0761
	Niere 0.0432
	Placenta 0.0606
	Prostata 0.0249
	Sinnesorgane 0.0628

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
55	Brust 0.0068
	Eierstock_n 0.1595
	Eierstock_t 0.0051
	Endokrines_Gewebe 0.0245
	Foetal 0.0256
60	Gastrointestinal 0.0732
	Haematopoetisch 0.0057
	Haut-Muskel 0.0551
	Hoden 0.0309
	Lunge 0.0737
65	Nerven 0.0231
	Prostata 0.0137
	Sinnesorgane 0.0310
	Uterus_n 0.0333

Elektronischer Nachschern für SEQ. ID. NO: 10

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blase 0.1131	0.1431	0.7900 1.2659
	Brust 0.1356	0.1692	0.8015 1.2476
	Duenndarm 0.1962	0.0165	11.8636 0.0843
	Eierstock 0.1827	0.2446	0.7471 1.3385
10	Endokrines_Gewebe 0.1090	0.1329	0.8202 1.2192
	Gastrointestinal 0.1878	0.2590	0.7248 1.3797
	Gehirn 0.1035	0.1325	0.7814 1.2798
	Haematopoetisch 0.2700	0.1894	1.4257 0.7014
	Haut 0.1358	0.0847	1.6028 0.6239
15	Hepatisch 0.0428	0.1812	0.2363 4.2311
	Herz 0.2586	0.0137	18.8118 0.0532
	Hoden 0.0633	0.1403	0.4510 2.2174
	Lunge 0.3231	0.2229	1.4495 0.6899
	Magen-Speiseroehre 0.1643	0.2147	0.7653 1.3066
20	Muskel-Skelett 0.1970	0.0960	2.0524 0.4872
	Niere 0.1222	0.2328	0.5248 1.9055
	Pankreas 0.0876	0.1767	0.4955 2.0183
	Penis 0.1407	0.1600	0.8798 1.1366
	Prostata 0.1003	0.0766	1.3080 0.7645
25	Uterus_Endometrium 0.1824	0.0528	3.4569 0.2893
	Uterus_Myometrium 0.1677	0.3804	0.4409 2.2681
	Uterus_allgemein 0.2292	0.0000	undef 0.0000
	Brust-Hyperplasie 0.0735		
	Prostata-Hyperplasie 0.0684		
	Samenblase 0.1335		
30	Sinnesorgane 0.0470		
	Weisse_Blutkoerperchen 0.2749		
	Zervix 0.0958		

	FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0139
	Gastrointenstinal 0.0639
	Gehirn 0.1063
40	Haematopoetisch 0.1258
	Haut 0.2513
	Hepatisch 0.0260
	Herz-Blutgefaesse 0.0712
	Lunge 0.1517
45	Nebenniere 0.0000
	Niere 0.0988
	Placenta 0.0909
	Prostata 0.1745
	Sinnesorgane 0.0377

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit	
55	Brust 0.0136	
	Eierstock_n 0.3190	
	Eierstock_t 0.0709	
	Endokrines_Gewebe 0.0000	
	Foetal 0.0326	
60	Gastrointestinal 0.1464	
	Haematopoetisch 0.0000	
	Haut-Muskel 0.1328	
	Hoden 0.0154	
	Lunge 0.2211	
	Nerven 0.0311	
65	Prostata 0.0410	
	Sinnesorgane 0.0000	
	Uterus_n 0.0333	

Elektronischer Nort für SEQ. ID. NO: 11

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blase	0.0156	0.0051	3.0509 0.3278
	Brust	0.0064	0.0113	0.5671 1.7633
	Duenndarm	0.0031	0.0000	undef 0.0000
	Eierstock	0.0240	0.0234	1.0233 0.9772
10	Endokrines_Gewebe	0.0068	0.0100	0.6792 1.4722
	Gastrointestinal	0.0096	0.0046	2.0708 0.4829
	Gehirn	0.0022	0.0257	0.0864 11.5747
	Haematopoetisch	0.0147	0.0000	undef 0.0000
	Haut	0.0110	0.0000	undef 0.0000
15	Hepatisch	0.0238	0.0065	3.6765 0.2720
	Herz	0.0276	0.0275	1.0023 0.9977
	Hoden	0.0000	0.0117	0.0000 undef
	Lunge	0.0083	0.0245	0.3387 2.9526
20	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0077	0.0000 undef
	Muskel-Skelett	0.0086	0.0060	1.4278 0.7004
	Niere	0.0081	0.0616	0.1322 7.5658
	Pankreas	0.0165	0.0000	undef 0.0000
	Penis	0.0120	0.0267	0.4493 2.2259
	Prostata	0.0065	0.0085	0.7677 1.3026
25	Uterus_Endometrium	0.0270	0.0000	undef 0.0000
	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0951	0.0802 12.4748
	Uterus_allgemein	0.0968	0.0000	undef 0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0096		
	Prostata-Hyperplasie	0.0089		
	Samenblase	0.0089		
	Sinnesorgane	0.0706		
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000		
	Zervix	0.0106		

		FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0139
	Gastrointenstinal	0.0278
40	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0708
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
45	Herz-Blutgefaesse	0.0320
	Lunge	0.0036
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0124
	Placenta	0.2121
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
55	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0233
60	Gastrointestinal	0.0244
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0648
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0164
65	Nerven	0.0010
	Prostata	0.0068
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0083

Elektronischer Nomogramm für SEQ. ID. NO: 12

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhältnisse N/T T/N
5	Blase 0.0351	0.3093	0.1135 8.8135
	Brust 0.0269	0.0470	0.5716 1.7493
	Duenndarm 0.0092	0.0662	0.1390 7.1929
	Eierstock 0.0569	0.0182	3.1248 0.3200
10	Endokrines_Gewebe 0.0528	0.0502	1.0528 0.9498
	Gastrointestinal 0.0019	0.0093	0.2071 4.8289
	Gehirn 0.0022	0.0873	0.0254 39.3541
	Haematopoetisch 0.0147	0.0000	undef 0.0000
	Haut 0.0220	0.5085	0.0433 23.0839
15	Hepatisch 0.0285	0.0582	0.4902 2.0400
	Herz 0.0191	0.0000	undef 0.0000
	Hoden 0.0115	0.0000	undef 0.0000
	Lunge 0.0114	0.0061	1.8628 0.5368
	Magen-Speiseroehre 0.0193	0.0077	2.5211 0.3967
20	Muskel-Skelett 0.0771	0.0540	1.4278 0.7004
	Niere 0.0489	0.0137	3.5687 0.2802
	Pankreas 0.0264	0.0442	0.5983 1.6714
	Penis 0.0090	0.1066	0.0842 11.8713
	Prostata 0.0000	0.0064	0.0000 undef
25	Uterus_Endometrium 0.0743	0.0000	undef 0.0000
	Uterus_Myometrium 0.0381	0.1494	0.2551 3.9206
	Uterus_allgemein 0.0153	0.0954	0.1601 6.2452
	Brust-Hyperplasie 0.0096		
	Prostata-Hyperplasie 0.0059		
	Samenblase 0.0000		
30	Sinnesorgane 0.0118		
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000		
	Zervix 0.0000		

	FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0696
	Gastrointenstinal 0.4387
	Gehirn 0.0000
40	Haematopoetisch 0.2713
	Haut 0.0000
	Hepatisch 1.6121
	Herz-Blutgefaesse 0.0605
	Lunge 0.1770
45	Nebenniere 1.1663
	Niere 0.8092
	Placenta 0.7635
	Prostata 0.0499
	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
55	Brust 0.0612
	Eierstock_n 0.0000
	Eierstock_t 0.1114
	Endokrines_Gewebe 0.0000
	Foetal 0.4665
60	Gastrointestinal 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000
	Haut-Muskel 0.0000
	Hoden 0.0000
	Lunge 0.0000
	Nerven 0.0030
65	Prostata 0.0068
	Sinnesorgane 0.0000
	Uterus_n 0.0291

Elektronischer North für SEQ. ID. NO: 13

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blase 0.0078	0.0204	0.3814 2.6222
	Brust 0.0256	0.0432	0.5918 1.6899
	Duenndarm 0.0000	0.0000	undef undef
	Eierstock 0.0060	0.0078	0.7675 1.3029
10	Endokrines_Gewebe 0.0000	0.0050	0.0000 undef
	Gastrointestinal 0.0000	0.0000	undef undef
	Gehirn 0.0074	0.0216	0.3428 2.9168
	Haematopoetisch 0.0013	0.0000	undef 0.0000
	Haut 0.0073	0.0000	undef 0.0000
15	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef undef
	Herz 0.0021	0.0000	undef 0.0000
	Hoden 0.0115	0.0468	0.2460 4.0652
	Lunge 0.0031	0.0082	0.3810 2.6245
20	Magen-Speiseroehre 0.0580	0.0000	undef 0.0000
	Muskel-Skelett 0.0000	0.0300	0.0000 undef
	Niere 0.0027	0.0000	undef 0.0000
	Pankreas 0.0033	0.0276	0.1197 8.3571
	Penis 0.0210	0.1066	0.1966 5.0877
	Prostata 0.0022	0.0043	0.5118 1.9538
25	Uterus_Endometrium 0.0135	0.0000	undef 0.0000
	Uterus_Myometrium 0.0305	0.0883	0.3453 2.8959
	Uterus_allgemein 0.0102	0.0000	undef 0.0000
	Brust-Hyperplasie 0.0160		
	Prostata-Hyperplasie 0.0059		
	Samenblase 0.0356		
	Sinnesorgane 0.0000		
30	Weisse_Blutkoerperchen 0.0035		
	Zervix 0.0639		

	FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0000
	Gastrointestinal 0.0028
	Gehirn 0.0000
40	Haematopoetisch 0.0000
	Haut 0.0000
	Hepatisch 0.0000
	Herz-Blutgefaesse 0.0000
	Lunge 0.0145
45	Nebenniere 0.0761
	Niere 0.0247
	Placenta 0.0061
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit	
55	Brust 0.0408	
	Eierstock_n 0.0000	
	Eierstock_t 0.1266	
	Endokrines_Gewebe 0.0000	
	Foetal 0.0047	
60	Gastrointestinal 0.0000	
	Haematopoetisch 0.0057	
	Haut-Muskel 0.0032	
	Hoden 0.0000	
	Lunge 0.0000	
	Nerven 0.0030	
65	Prostata 0.0000	
	Sinnesorgane 0.0000	
	Uterus_n 0.0208	

Elektronischer Notfallbericht für SEQ. ID. NO: 14

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blase 0.0195	0.0051	3.8136 0.2622
	Brust 0.0051	0.0132	0.3889 2.5715
	Duenndarm 0.0061	0.0000	undef 0.0000
	Eierstock 0.0150	0.0130	1.1513 0.8686
10	Endokrines_Gewebe 0.0153	0.0150	1.0189 0.9815
	Gastrointestinal 0.0115	0.0000	undef 0.0000
	Gehirn 0.0133	0.0133	0.9969 1.0031
	Haematopoetisch 0.0174	0.0000	undef 0.0000
	Haut 0.0147	0.0000	undef 0.0000
15	Hepatisch 0.0000	0.0194	0.0000 undef
	Herz 0.0265	0.0000	undef 0.0000
	Hoden 0.0058	0.0000	undef 0.0000
	Lunge 0.0042	0.0164	0.2540 3.9367
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0077	0.0000 undef
20	Muskel-Skelett 0.0069	0.0540	0.1269 7.8795
	Niere 0.0217	0.0274	0.7930 1.2610
	Pankreas 0.0165	0.0055	2.9915 0.3343
	Penis 0.0090	0.0000	undef 0.0000
	Prostata 0.0087	0.0170	0.5118 1.9538
25	Uterus_Endometrium 0.0338	0.2111	0.1600 6.2484
	Uterus_Myometrium 0.0076	0.0475	0.1603 6.2374
	Uterus_allgemein 0.0000	0.0000	undef undef
	Brust-Hyperplasie 0.0320		
	Prostata-Hyperplasie 0.0238		
	Samenblase 0.0267		
30	Sinnesorgane 0.0000		
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0069		
	Zervix 0.0213		

	FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0417
	Gastrointenstinal 0.0139
	Gehirn 0.0125
40	Haematopoetisch 0.0157
	Haut 0.0000
	Hepatisch 0.0000
	Herz-Blutgefaesse 0.0427
	Lunge 0.0253
45	Nebenniere 0.0000
	Niere 0.0124
	Placenta 0.0121
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0126

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
55	Brust 0.0068
	Eierstock_n 0.0000
	Eierstock_t 0.0051
	Endokrines_Gewebe 0.0245
	Foetal 0.0035
60	Gastrointestinal 0.0244
	Haematopoetisch 0.0000
	Haut-Muskel 0.0065
	Hoden 0.0000
	Lunge 0.0082
	Nerven 0.0050
65	Prostata 0.0137
	Sinnesorgane 0.0155
	Uterus_n 0.0042

Elektronischer Northgate für SEQ. ID. NO: 15

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blase 0.0078	0.0102	0.7627 1.3111
	Brust 0.0026	0.0150	0.1701 5.8778
	Duenndarm 0.0184	0.0496	0.3707 2.6973
	Eierstock 0.0000	0.0052	0.0000 undef
10	Endokrines_Gewebe 0.0000	0.0025	0.0000 undef
	Gastrointestinal 0.0000	0.0093	0.0000 undef
	Gehirn 0.0007	0.0072	0.1029 9.7228
	Haematopoetisch 0.0000	0.0000	undef undef
	Haut 0.0037	0.0000	undef 0.0000
	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef undef
15	Herz 0.0032	0.0000	undef 0.0000
	Hoden 0.0058	0.0000	undef 0.0000
	Lunge 0.0021	0.0041	0.5080 1.9684
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0307	0.0000 undef
	Muskel-Skelett 0.0086	0.0240	0.3569 2.8016
20	Niere 0.0027	0.0000	undef 0.0000
	Pankreas 0.0000	0.0055	0.0000 undef
	Penis 0.0240	0.0000	undef 0.0000
	Prostata 0.0065	0.0021	3.0709 0.3256
	Uterus_Endometrium 0.0000	0.0000	undef undef
	Uterus_Myometrium 0.0000	0.0340	0.0000 undef
	Uterus_allgemein 0.0000	0.0000	undef undef
	Brust-Hyperplasie 0.0096		
	Prostata-Hyperplasie 0.0000		
	Samenblase 0.0000		
30	Sinnesorgane 0.0118		
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000		
	Zervix 0.0000		

	FOETUS %Haeufigkeit
	Entwicklung 0.0139
	Gastrointestinal 0.0000
	Gehirn 0.0000
40	Haematopoetisch 0.0039
	Haut 0.0000
	Hepatisch 0.0000
	Herz-Blutgefaesse 0.0036
	Lunge 0.0036
45	Nebenniere 0.0000
	Niere 0.0000
	Placenta 0.0000
	Prostata 0.0249
	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit	
	Brust 0.0000	
55	Eierstock_n 0.0000	
	Eierstock_t 0.0000	
	Endokrines_Gewebe 0.0000	
	Foetal 0.0000	
	Gastrointestinal 0.0000	
60	Haematopoetisch 0.0000	
	Haut-Muskel 0.0000	
	Hoden 0.0000	
	Lunge 0.0000	
	Nerven 0.0020	
65	Prostata 0.0000	
	Sinnesorgane 0.0000	
	Uterus_n 0.0125	

Elektronischer Notizkern für SEQ. ID. NO: 16

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blase 0.0039	0.0153	0.2542 3.9333
	Brust 0.0077	0.0038	2.0416 0.4898
	Duenndarm 0.0123	0.0000	undef 0.0000
	Eierstock 0.0060	0.0026	2.3025 0.4343
10	Endokrines_Gewebe 0.0119	0.0251	0.4755 2.1032
	Gastrointestinal 0.0096	0.0139	0.6903 1.4487
	Gehirn 0.0163	0.0246	0.6600 1.5152
	Haematopoetisch 0.0040	0.0000	undef 0.0000
	Haut 0.0110	0.0000	undef 0.0000
15	Hepatisch 0.0095	0.0065	1.4706 0.6800
	Herz 0.0180	0.0000	undef 0.0000
	Hoden 0.0000	0.0117	0.0000 undef
	Lunge 0.0135	0.0082	1.6511 0.6057
20	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0153	0.0000 undef
	Muskel-Skelett 0.0069	0.0060	1.1422 0.8755
	Niere 0.0000	0.0000	undef undef
	Pankreas 0.0033	0.0276	0.1197 8.3571
	Penis 0.0090	0.0267	0.3369 2.9678
	Prostata 0.0196	0.0128	1.5354 0.6513
25	Uterus_Endometrium 0.0068	0.0000	undef 0.0000
	Uterus_Myometrium 0.0000	0.0408	0.0000 undef
	Uterus_allgemein 0.0357	0.0000	undef 0.0000
	Brust-Hyperplasie 0.0128		
	Prostata-Hyperplasie 0.0089		
	Samenblase 0.0267		
30	Sinnesorgane 0.0000		
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000		
	Zervix 0.0000		

	FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0000
	Gastrointestinal 0.0000
	Gehirn 0.0375
40	Haematopoetisch 0.0039
	Haut 0.0000
	Hepatisch 0.0000
	Herz-Blutgefaesse 0.0071
	Lunge 0.0036
45	Nebenniere 0.0507
	Niere 0.0124
	Placenta 0.0061
	Prostata 0.0249
	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
55	Brust 0.0000
	Eierstock_n 0.0000
	Eierstock_t 0.0000
	Endokrines_Gewebe 0.0000
	Foetal 0.0012
60	Gastrointestinal 0.0122
	Haematopoetisch 0.0000
	Haut-Muskel 0.0097
	Hoden 0.0000
	Lunge 0.0082
	Nerven 0.0050
65	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000
	Uterus_n 0.0083

Elektronischer Notfallbericht für SEQ. ID. NO: 17

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	N/T	Verhaeltnisse T/N
5	Blase 0.0195	0.0179	1.0896	0.9178
	Brust 0.0307	0.0338	0.9074	1.1021
	Duenndarm 0.0184	0.0165	1.1122	0.8991
	Eierstock 0.0509	0.0286	1.7792	0.5620
10	Endokrines_Gewebe 0.0375	0.0301	1.2453	0.8030
	Gastrointestinal 0.0153	0.0093	1.6567	0.6036
	Gehirn 0.0222	0.0452	0.4909	2.0372
	Haematopoetisch 0.0160	0.0000	undef	0.0000
	Haut 0.0661	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch 0.0143	0.0518	0.2757	3.6266
	Herz 0.0636	0.0000	undef	0.0000
	Hoden 0.0173	0.0117	1.4759	0.6775
	Lunge 0.0177	0.0532	0.3322	3.0104
20	Magen-Speiseroehre 0.0483	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett 0.0137	0.0960	0.1428	7.0040
	Niere 0.0217	0.0685	0.3172	3.1524
	Pankreas 0.0264	0.0055	4.7864	0.2089
	Penis 0.0449	0.0000	undef	0.0000
	Prostata 0.0283	0.0341	0.8317	1.2024
25	Uterus_Endometrium 0.0135	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium 0.0229	0.0679	0.3367	2.9702
	Uterus_allgemein 0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie 0.0671			
	Prostata-Hyperplasie 0.0476			
	Samenblase 0.0356			
30	Sinnesorgane 0.0353			
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0121			
	Zervix 0.0532			

	FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0557
	Gastrointenstinal 0.0278
	Gehirn 0.0688
40	Haematopoetisch 0.0275
	Haut 0.0000
	Hepatisch 0.0000
	Herz-Blutgefaesse 0.0534
	Lunge 0.0831
45	Nebenniere 0.1014
	Niere 0.0741
	Placenta 0.0182
	Prostata 0.1247
	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
55	Brust 0.0000
	Eierstock_n 0.0000
	Eierstock_t 0.0203
	Endokrines_Gewebe 0.0490
	Foetal 0.0169
60	Gastrointestinal 0.0122
	Haematopoetisch 0.0000
	Haut-Muskel 0.0259
	Hoden 0.0000
	Lunge 0.0082
	Nerven 0.0050
65	Prostata 0.0068
	Sinnesorgane 0.0000
	Uterus_n 0.0167

Elektronischer N...lern für SEQ. ID. NO: 18

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	N/T	Verhaeltnisse T/N
5	Blase 0.0195	0.0179	1.0896	0.9178
	Brust 0.0371	0.0357	1.0387	0.9627
	Duenndarm 0.0245	0.0331	0.7415	1.3487
	Eierstock 0.0479	0.0390	1.2280	0.8143
10	Endokrines_Gewebe 0.0358	0.0326	1.0972	0.9114
	Gastrointestinal 0.0153	0.0093	1.6567	0.6036
	Gehirn 0.0229	0.0524	0.4376	2.2851
	Haematopoetisch 0.0147	0.0000	undef	0.0000
	Haut 0.0587	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch 0.0143	0.0518	0.2757	3.6266
	Herz 0.0593	0.0000	undef	0.0000
	Hoden 0.0115	0.0117	0.9839	1.0163
	Lunge 0.0145	0.0491	0.2964	3.3743
20	Magen-Speiseroehre 0.0290	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett 0.0120	0.1140	0.1052	9.5055
	Niere 0.0299	0.0616	0.4846	2.0634
	Pankreas 0.0281	0.0055	5.0855	0.1966
	Penis 0.0449	0.0000	undef	0.0000
	Prostata 0.0349	0.0319	1.0919	0.9159
25	Uterus_Endometrium 0.0203	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium 0.0152	0.0679	0.2245	4.4553
	Uterus_allgemein 0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie 0.0576			
	Prostata-Hyperplasie 0.0446			
	Samenblase 0.0356			
30	Sinnesorgane 0.0235			
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0130			
	Zervix 0.0532			

	FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0417
	Gastrointenstinal 0.0333
	Gehirn 0.0688
40	Haematopoetisch 0.0275
	Haut 0.0000
	Hepatisch 0.0000
	Herz-Blutgefaesse 0.0427
	Lunge 0.0867
45	Nebenniere 0.1268
	Niere 0.0741
	Placenta 0.0182
	Prostata 0.1247
	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit	
55	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0253
	Endokrines_Gewebe	0.0245
	Foetal	0.0326
60	Gastrointestinal	0.0122
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0518
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0082
	Nerven	0.0090
65	Prostata	0.0137
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0208

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 19

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blase 0.0351	0.0332	1.0561 0.9469
	Brust 0.0269	0.0376	0.7146 1.3995
	Duenndarm 0.0337	0.0992	0.3398 2.9425
	Eierstock 0.0240	0.0312	0.7675 1.3029
10	Endokrines_Gewebe 0.0409	0.0075	5.4340 0.1840
	Gastrointestinal 0.0268	0.0971	0.2761 3.6217
	Gehirn 0.0059	0.0113	0.5236 1.9098
	Haematopoetisch 0.0013	0.2273	0.0059 170.0273
	Haut 0.0330	0.0000	undef 0.0000
15	Hepatisch 0.0095	0.0388	0.2451 4.0800
	Herz 0.0223	0.0000	undef 0.0000
	Hoden 0.0173	0.0351	0.4920 2.0326
	Lunge 0.0395	0.0900	0.4388 2.2792
20	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0077	0.0000 undef
	Muskel-Skelett 0.0857	0.1920	0.4462 2.2413
	Niere 0.0136	0.0205	0.6609 1.5132
	Pankreas 0.0198	0.0221	0.8974 1.1143
	Penis 0.0629	0.0800	0.7862 1.2719
	Prostata 0.0087	0.0106	0.8189 1.2211
25	Uterus_Endometrium 0.0676	0.0000	undef 0.0000
	Uterus_Myometrium 0.0686	0.1630	0.4208 2.3761
	Uterus_allgemein 0.0153	0.0000	undef 0.0000
	Brust-Hyperplasie 0.0735		
	Prostata-Hyperplasie 0.0416		
	Samenblase 0.0000		
30	Sinnesorgane 0.0235		
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000		
	Zervix 0.0426		

	FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.1113
	Gastrointenstinal 0.0056
	Gehirn 0.0000
40	Haematopoetisch 0.0039
	Haut 0.0000
	Hepatisch 0.0000
	Herz-Blutgefaesse 0.0356
	Lunge 0.0289
45	Nebenniere 0.0000
	Niere 0.0062
	Placenta 0.1333
	Prostata 0.0249
	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit	
55	Brust 0.0204	
	Eierstock_n 0.0000	
	Eierstock_t 0.0000	
	Endokrines_Gewebe 0.0000	
	Foetal 0.0111	
60	Gastrointestinal 0.0244	
	Haematopoetisch 0.0000	
	Haut-Muskel 0.0065	
	Hoden 0.0000	
	Lunge 0.0000	
	Nerven 0.0000	
65	Prostata 0.0068	
	Sinnesorgane 0.0077	
	Uterus_n 0.0125	

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 20

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Maeltnisse N T/N
5	Blase 0.0858	0.1048	0.8185 1.2217
	Brust 0.1036	0.1729	0.5992 1.6690
	Duenndarm 0.1226	0.1158	1.0593 0.9441
	Eierstock 0.0958	0.1197	0.8009 1.2486
10	Endokrines_Gewebe 0.0954	0.1128	0.8453 1.1830
	Gastrointestinal 0.0900	0.1573	0.5725 1.7466
	Gehirn 0.0658	0.0924	0.7120 1.4046
15	Haematopoetisch 0.1109	0.0758	1.4645 0.6828
	Haut 0.0918	0.0000	undef 0.0000
	Hepatisch 0.0333	0.0906	0.3676 2.7200
	Herz 0.2120	0.0412	5.1398 0.1946
	Hoden 0.0690	0.3625	0.1904 5.2509
	Lunge 0.0696	0.1186	0.5869 1.7040
20	Magen-Speiseroehre 0.0483	0.0460	1.0504 0.9520
	Muskel-Skelett 0.0702	0.2820	0.2491 4.0145
	Niere 0.0652	0.1027	0.6344 1.5762
	Pankreas 0.1140	0.1270	0.8974 1.1143
	Penis 0.1018	0.0000	undef 0.0000
	Prostata 0.1090	0.1277	0.8530 1.1723
25	Uterus_Endometrium 0.1149	0.0000	undef 0.0000
	Uterus_Myometrium 0.0686	0.2106	0.3258 3.0692
	Uterus_allgemein 0.0458	0.1908	0.2402 4.1635
30	Brust-Hyperplasie 0.1279		
	Prostata-Hyperplasie 0.1159		
	Samenblase 0.1157		
	Sinnesorgane 0.1059		
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0832		
	Zervix 0.1278		

	FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0557
	Gastrointenstinal 0.2471
	Gehirn 0.2189
	Haematopoetisch 0.1612
	Haut 0.0000
40	Hepatisch 0.1560
	Herz-Blutgefaesse 0.2633
	Lunge 0.1012
	Nebenniere 0.1014
	Niere 0.1112
45	Placenta 0.0848
	Prostata 0.3740
	Sinnesorgane 0.0126

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
	Brust 0.0136
55	Eierstock_n 0.1595
	Eierstock_t 0.0658
	Endokrines_Gewebe 0.0000
	Foetal 0.0216
	Gastrointestinal 0.0732
	Haematopoetisch 0.0057
60	Haut-Muskel 0.0259
	Hoden 0.0000
	Lunge 0.1638
	Nerven 0.0211
	Prostata 0.0205
65	Sinnesorgane 0.0000
	Uterus_n 0.0333

Elektronischer Norton für SEQ. ID. NO: 21

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blase 0.0273	0.0102	2.6695 0.3746
	Brust 0.0051	0.0019	2.7221 0.3674
	Duenndarm 0.0276	0.0000	undef 0.0000
	Eierstock 0.0180	0.0000	undef 0.0000
10	Endokrines_Gewebe 0.0136	0.0000	undef 0.0000
	Gastrointestinal 0.0134	0.0046	2.8992 0.3449
	Gehirn 0.0015	0.0164	0.0900 11.1117
	Haematopoetisch 0.0053	0.0000	undef 0.0000
	Haut 0.0147	0.0000	undef 0.0000
15	Hepatisch 0.0048	0.0000	undef 0.0000
	Herz 0.0106	0.0412	0.2570 3.8912
	Hoden 0.0000	0.0117	0.0000 undef
	Lunge 0.0052	0.0102	0.5080 1.9684
20	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef undef
	Muskel-Skelett 0.0223	0.0060	3.7122 0.2694
	Niere 0.0081	0.0000	undef 0.0000
	Pankreas 0.0033	0.0276	0.1197 8.3571
	Penis 0.0030	0.0267	0.1123 8.9035
	Prostata 0.0022	0.0043	0.5118 1.9538
25	Uterus_Endometrium 0.0135	0.0000	undef 0.0000
	Uterus_Myometrium 0.0381	0.1019	0.3741 2.6732
	Uterus_allgemein 0.0102	0.0000	undef 0.0000
	Brust-Hyperplasie 0.0032		
	Prostata-Hyperplasie 0.0000		
	Samenblase 0.0089		
30	Sinnesorgane 0.0000		
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0130		
	Zervix 0.0106		

	FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0000
	Gastrointenstinal 0.0111
	Gehirn 0.0000
40	Haematopoetisch 0.0157
	Haut 0.0000
	Hepatisch 0.0000
	Herz-Blutgefaesse 0.0107
	Lunge 0.0000
45	Nebenniere 0.0000
	Niere 0.0247
	Placenta 0.0000
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit	
55	Brust 0.0204	
	Eierstock_n 0.0000	
	Eierstock_t 0.0101	
	Endokrines_Gewebe 0.0490	
	Foetal 0.0093	
60	Gastrointestinal 0.0122	
	Haematopoetisch 0.0057	
	Haut-Muskel 0.0421	
	Hoden 0.0154	
	Lunge 0.0000	
	Nerven 0.0010	
65	Prostata 0.0274	
	Sinnesorgane 0.0000	
	Uterus_n 0.0000	

Elektronischer Nern für SEQ. ID. NO: 22

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blase 0.0000	0.0102	0.0000 undef
	Brust 0.0064	0.0207	0.3093 3.2328
	Duenndarm 0.0153	0.0662	0.2317 4.3157
	Eierstock 0.0180	0.0156	1.1513 0.8686
10	Endokrines_Gewebe 0.0204	0.0351	0.5822 1.7176
	Gastrointestinal 0.0153	0.0231	0.6627 1.5090
	Gehirn 0.0510	0.0257	1.9871 0.5032
	Haematopoetisch 0.0134	0.0000	undef 0.0000
	Haut 0.0367	0.0000	undef 0.0000
15	Hepatisch 0.0095	0.0000	undef 0.0000
	Herz 0.0466	0.0000	undef 0.0000
	Hoden 0.0000	0.0117	0.0000 undef
	Lunge 0.0249	0.0348	0.7172 1.3943
20	Magen-Speiseroehre 0.0193	0.0077	2.5211 0.3967
	Muskel-Skelett 0.0377	0.0300	1.2564 0.7959
	Niere 0.0244	0.0274	0.8922 1.1209
	Pankreas 0.0083	0.0166	0.4986 2.0057
	Penis 0.0329	0.0267	1.2355 0.8094
	Prostata 0.0131	0.0149	0.8774 1.1397
25	Uterus_Endometrium 0.0338	0.0000	undef 0.0000
	Uterus_Myometrium 0.0000	0.0340	0.0000 undef
	Uterus_allgemein 0.0153	0.0000	undef 0.0000
	Brust-Hyperplasie 0.0256		
	Prostata-Hyperplasie 0.0238		
	Samenesblase 0.0000		
30	Sinnesorgane 0.0000		
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0069		
	Zervix 0.0213		

	FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0139
	Gastrointenstinal 0.0194
	Gehirn 0.0125
40	Haematopoetisch 0.0039
	Haut 0.0000
	Hepatisch 0.0000
	Herz-Blutgefaesse 0.0320
	Lunge 0.0434
45	Nebenniere 0.0000
	Niere 0.0124
	Placenta 0.0061
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0251

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit	
55	Brust 0.0000	
	Eierstock_n 0.3190	
	Eierstock_t 0.0000	
	Endokrines_Gewebe 0.0000	
	Foetal 0.0373	
60	Gastrointestinal 0.0000	
	Haematopoetisch 0.0114	
	Haut-Muskel 0.0680	
	Hoden 0.0231	
	Lunge 0.0000	
	Nerven 0.0211	
65	Prostata 0.0205	
	Sinnesorgane 0.0077	
	Uterus_n 0.0458	

Elektronischer Notizen für SEQ. ID. NO: 23

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blase 0.0741	0.0639	1.1593 0.8626
	Brust 0.0691	0.0827	0.8352 1.1973
	Duenndarm 0.0245	0.0496	0.4943 2.0230
	Eierstock 0.0689	0.0494	1.3936 0.7176
10	Endokrines_Gewebe 0.2487	0.5191	0.4791 2.0873
	Gastrointestinal 0.0421	0.0879	0.4796 2.0852
	Gehirn 0.1700	0.1037	1.6395 0.6099
	Haematopoetisch 0.0695	0.0758	0.9175 1.0899
	Haut 0.0367	0.4237	0.0866 11.5419
15	Hepatisch 0.0143	0.0388	0.3676 2.7200
	Herz 0.0668	0.1375	0.4857 2.0588
	Hoden 0.0460	0.0468	0.9839 1.0163
	Lunge 0.0592	0.0470	1.2590 0.7943
20	Magen-Speiseroehre 0.1160	0.0690	1.6807 0.5950
	Muskel-Skelett 0.0754	0.0960	0.7853 1.2735
	Niere 0.0706	0.0479	1.4728 0.6790
	Pankreas 0.0677	0.0552	1.2265 0.8153
	Penis 0.0988	0.0267	3.7064 0.2698
	Prostata 0.0697	0.0660	1.0566 0.9464
25	Uterus_Endometrium 0.0608	0.0000	undef 0.0000
	Uterus_Myometrium 0.0152	0.0611	0.2494 4.0097
	Uterus_allgemein 0.1120	0.0000	undef 0.0000
	Brust-Hyperplasie 0.0480		
	Prostata-Hyperplasie	0.0565	
	Samenblase	0.0445	
30	Sinnesorgane	0.0823	
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0824	
	Zervix	0.0852	

	FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.1113
	Gastrointestinal 0.0805
	Gehirn 0.1376
40	Haematopoetisch 0.1140
	Haut 0.0000
	Hepatisch 0.0520
	Herz-Blutgefaesse 0.0996
	Lunge 0.1951
45	Nebenniere 0.1268
	Niere 0.1359
	Placenta 0.1030
	Prostata 0.0748
	Sinnesorgane 0.0879

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
55	Brust 0.0544
	Eierstock_n 0.0000
	Eierstock_t 0.0203
	Endokrines_Gewebe 0.0245
	Foetal 0.0309
60	Gastrointestinal 0.0610
	Haematopoetisch 0.0000
	Haut-Muskel 0.0356
	Hoden 0.0077
	Lunge 0.0655
	Nerven 0.0783
65	Prostata 0.0547
	Sinnesorgane 0.0000
	Uterus_n 0.0083

Elektronischer Nachschrank für SEQ. ID. NO: 24

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	N/T	Verhaeltnisse T/N
5	Blase 0.0546	0.0332	1.6428	0.6087
	Brust 0.0269	0.0320	0.8407	1.1896
	Duenndarm 0.0276	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock 0.0479	0.0546	0.8771	1.1401
10	Endokrines_Gewebe 0.0324	0.0176	1.8437	0.5424
	Gastrointestinal 0.0211	0.0463	0.4556	2.1950
	Gehirn 0.0229	0.0277	0.8266	1.2097
	Haematopoetisch 0.0348	0.0379	0.9175	1.0899
	Haut 0.0184	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch 0.0190	0.0000	undef	0.0000
	Herz 0.0477	0.0000	undef	0.0000
	Hoden 0.0230	0.1169	0.1968	5.0816
	Lunge 0.0156	0.0307	0.5080	1.9684
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0460	0.0000	undef
20	Muskel-Skelett 0.0120	0.0480	0.2499	4.0023
	Niere 0.0163	0.0068	2.3791	0.4203
	Pankreas 0.0182	0.0331	0.5484	1.8234
	Penis 0.0180	0.0800	0.2246	4.4517
	Prostata 0.0174	0.0170	1.0236	0.9769
25	Uterus_Endometrium 0.0541	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium 0.0229	0.0679	0.3367	2.9702
	Uterus_allgemein 0.0102	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie 0.0576			
	Prostata-Hyperplasie 0.0208			
	Samenblase 0.0089			
30	Sinnesorgane 0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0277			
	Zervix 0.0213			

	FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0278
	Gastrointenstinal 0.0639
	Gehirn 0.0438
40	Haematopoetisch 0.0275
	Haut 0.0000
	Hepatisch 0.0000
	Herz-Blutgefaesse 0.0925
	Lunge 0.0831
45	Nebenniere 0.0000
	Niere 0.0803
	Placenta 0.0667
	Prostata 0.0249
	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
55	Brust 0.0000
	Eierstock_n 0.0000
	Eierstock_t 0.0000
	Endokrines_Gewebe 0.0000
	Foetal 0.0006
60	Gastrointestinal 0.0122
	Haematopoetisch 0.0000
	Haut-Muskel 0.0000
	Hoden 0.0077
	Lunge 0.0000
	Nerven 0.0040
65	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000
	Uterus_n 0.0000

Elektronischer Notfallbericht für SEQ. ID. NO: 25

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T T/N
5	Blase 0.0429	0.0486	0.8832 1.1323
	Brust 0.0435	0.0771	0.5643 1.7720
	Duenndarm 0.0307	0.0000	undef 0.0000
	Eierstock 0.0389	0.0833	0.4677 2.1381
10	Endokrines_Gewebe 0.0460	0.0301	1.5283 0.6543
	Gastrointestinal 0.0287	0.0971	0.2958 3.3803
	Gehirn 0.0347	0.0534	0.6507 1.5367
	Haematopoetisch 0.0869	0.0000	undef 0.0000
	Haut 0.0551	0.0847	0.6498 1.5389
15	Hepatisch 0.0143	0.0194	0.7353 1.3600
	Herz 0.0466	0.0137	3.3923 0.2948
	Hoden 0.0173	0.0935	0.1845 5.4203
	Lunge 0.0457	0.0613	0.7451 1.3421
20	Magen-Speiseroehre 0.0290	0.0153	1.8908 0.5289
	Muskel-Skelett 0.0223	0.1140	0.1954 5.1183
	Niere 0.0407	0.0137	2.9739 0.3363
	Pankreas 0.0314	0.0442	0.7105 1.4075
	Penis 0.0779	0.0533	1.4601 0.6849
	Prostata 0.0458	0.0617	0.7412 1.3491
25	Uterus_Endometrium 0.0473	0.0000	undef 0.0000
	Uterus_Myometrium 0.0305	0.1087	0.2806 3.5642
	Uterus_allgemein 0.0357	0.0954	0.3736 2.6765
	Brust-Hyperplasie 0.0256		
	Prostata-Hyperplasie 0.0803		
	Samenblase 0.0801		
30	Sinnesorgane 0.0118		
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0494		
	Zervix 0.0426		

35	FOETUS
	%Haeufigkeit
	Entwicklung 0.0417
	Gastrointenstinal 0.0611
	Gehirn 0.0626
40	Haematopoetisch 0.0708
	Haut 0.0000
	Hepatisch 0.0260
	Herz-Blutgefaesse 0.0534
	Lunge 0.0542
45	Nebenniere 0.0761
	Niere 0.0988
	Placenta 0.0303
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0251

55	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
	%Haeufigkeit
	Brust 0.0204
	Eierstock_n 0.1595
	Eierstock_t 0.0101
	Endokrines_Gewebe 0.0000
	Foetal 0.0332
60	Gastrointestinal 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000
	Haut-Muskel 0.0194
	Hoden 0.0077
	Lunge 0.0328
65	Nerven 0.0161
	Prostata 0.0068
	Sinnesorgane 0.0000
	Uterus_n 0.0291

Elektronischer Notizkern für SEQ. ID. NO: 26

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blase 0.0000	0.0000	undef undef
	Brust 0.0000	0.0000	undef undef
	Duenndarm 0.0000	0.0000	undef undef
	Eierstock 0.0000	0.0000	undef undef
10	Endokrines_Gewebe 3.0675	0.0000	undef 0.0000
	Gastrointestinal 0.0000	0.0000	undef undef
	Gehirn 0.0015	0.0000	undef 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000	0.0000	undef undef
	Haut 0.0000	0.0000	undef undef
15	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef undef
	Herz 0.0000	0.0000	undef undef
	Hoden 0.0000	0.0000	undef undef
	Lunge 0.0000	0.0000	undef undef
20	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef undef
	Muskel-Skelett 0.0000	0.0000	undef undef
	Niere 0.0000	0.0000	undef undef
	Pankreas 0.0000	0.0000	undef undef
	Penis 0.0000	0.0000	undef undef
	Prostata 0.0000	0.0000	undef undef
25	Uterus_Endometrium 0.0000	0.0000	undef undef
	Uterus_Myometrium 0.0000	0.0340	0.0000 undef
	Uterus_allgemein 0.0000	0.0000	undef undef
	Brust-Hyperplasie 0.0000		
	Prostata-Hyperplasie 0.0000		
	Samenblase 0.0000		
30	Sinnesorgane 0.0000		
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000		
	Zervix 0.0000		

	FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0000
	Gastrointenstinal 0.0028
	Gehirn 0.0000
40	Haematopoetisch 0.0000
	Haut 0.0000
	Hepatisch 0.0000
	Herz-Blutgefaesse 0.0000
	Lunge 0.0000
45	Nebenniere 0.0000
	Niere 0.0000
	Placenta 0.0061
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
55	Brust 0.0000
	Eierstock_n 0.0000
	Eierstock_t 0.0000
	Endokrines_Gewebe 0.0000
	Foetal 0.0070
60	Gastrointestinal 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000
	Haut-Muskel 0.0000
	Hoden 0.0000
	Lunge 0.0000
	Nerven 0.0000
65	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0155
	Uterus_n 0.0250

Elektronischer North für SEQ. ID. NO: 27

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blase 0.0039	0.0230	0.1695 5.8999
	Brust 0.0179	0.0395	0.4537 2.2042
	Duenndarm 0.0061	0.0000	undef 0.0000
	Eierstock 0.0300	0.0130	2.3025 0.4343
10	Endokrines_Gewebe 0.0068	0.0251	0.2717 3.6805
	Gastrointestinal 0.0077	0.0093	0.8283 1.2072
	Gehirn 0.0015	0.0092	0.1600 6.2504
	Haematopoetisch 0.0053	0.0000	undef 0.0000
	Haut 0.0000	0.0000	undef undef
15	Hepatisch 0.0000	0.0194	0.0000 undef
	Herz 0.0032	0.0000	undef 0.0000
	Hoden 0.0000	0.0000	undef undef
	Lunge 0.0083	0.0368	0.2258 4.4288
	Magen-Speiseroehre 0.0290	0.0230	1.2605 0.7933
20	Muskel-Skelett 0.0000	0.0060	0.0000 undef
	Niere 0.0136	0.0068	1.9826 0.5044
	Pankreas 0.0000	0.0276	0.0000 undef
	Penis 0.0030	0.0000	undef 0.0000
	Prostata 0.0065	0.0128	0.5118 1.9538
25	Uterus_Endometrium 0.0473	0.0000	undef 0.0000
	Uterus_Myometrium 0.0000	0.0340	0.0000 undef
	Uterus_allgemein 0.0051	0.0000	undef 0.0000
	Brust-Hyperplasie 0.0000		
	Prostata-Hyperplasie 0.0030		
	Samenblase 0.0089		
30	Sinnesorgane 0.0000		
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000		
	Zervix 0.0213		

	FOETUS %Haeufigkeit
	Entwicklung 0.0139
	Gastrointenstinal 0.0278
	Gehirn 0.0125
40	Haematopoetisch 0.0079
	Haut 0.0000
	Hepatisch 0.0000
	Herz-Blutgefaesse 0.0320
	Lunge 0.0289
45	Nebenniere 0.0000
	Niere 0.0185
	Placenta 0.0000
	Prostata 0.0997
	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit	
55	Brust 0.0000	
	Eierstock_n 0.0000	
	Eierstock_t 0.0304	
	Endokrines_Gewebe 0.0245	
	Foetal 0.0029	
60	Gastrointestinal 0.0122	
	Haematopoetisch 0.0114	
	Haut-Muskel 0.0097	
	Hoden 0.0000	
	Lunge 0.0164	
	Nerven 0.0020	
65	Prostata 0.0068	
	Sinnesorgane 0.0000	
	Uterus_n 0.0000	

Elektronischer Notizkern für SEQ. ID. NO: 28

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blase	0.0195	0.0383	0.5085 1.9666
	Brust	0.0256	0.0714	0.3582 2.7919
	Duenndarm	0.0552	0.0331	1.6683 0.5994
	Eierstock	0.0270	0.0468	0.5756 1.7372
10	Endokrines_Gewebe	0.0477	0.0451	1.0566 0.9464
	Gastrointestinal	0.0326	0.0324	1.0058 0.9942
	Gehirn	0.0503	0.0277	1.8132 0.5515
	Haematopoetisch	0.0201	0.1894	0.1059 9.4460
	Haut	0.0367	0.2542	0.1444 6.9252
15	Hepatisch	0.0476	0.0388	1.2255 0.8160
	Herz	0.0699	0.0550	1.2721 0.7861
	Hoden	0.0173	0.1403	0.1230 8.1305
	Lunge	0.0395	0.0818	0.4826 2.0720
20	Magen-Speiseroehre	0.0676	0.0613	1.1030 0.9066
	Muskel-Skelett	0.0394	0.0300	1.3135 0.7613
	Niere	0.0462	0.0616	0.7490 1.3351
	Pankreas	0.0347	0.0607	0.5711 1.7510
	Penis	0.0509	0.1600	0.3182 3.1424
	Prostata	0.0327	0.0149	2.1935 0.4559
25	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef undef
	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0543	0.1403 7.1284
	Uterus_allgemein	0.0357	0.0000	undef 0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0192		
	Prostata-Hyperplasie	0.0565		
	Samenblase	0.0445		
30	Sinnesorgane	0.0941		
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0390		
	Zervix	0.0319		

35	FOETUS %Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0557
	Gastrointestinal	0.0194
	Gehirn	0.0188
40	Haematopoetisch	0.0197
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefaesse	0.0320
	Lunge	0.0325
45	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0371
	Placenta	0.0242
	Prostata	0.0997
	Sinnesorgane	0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit	
55	Brust	0.0340
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0101
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	- Foetal	0.0396
60	Gastrointestinal	0.0244
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0778
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0231
65	Prostata	0.0479
	Sinnesorgane	0.0697
	Uterus_n	0.0291

Elektronischer Nortblatt für SEQ. ID. NO: 29

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blase 0.0663	0.0358	1.8523 0.5399
	Brust 0.0512	0.0489	1.0470 0.9551
	Duenndarm 0.0368	0.0496	0.7415 1.3487
	Eierstock 0.0779	0.0728	1.0690 0.9354
10	Endokrines_Gewebe 0.0562	0.0326	1.7242 0.5800
	Gastrointestinal 0.0345	0.0370	0.9319 1.0731
	Gehirn 0.0392	0.0524	0.7482 1.3366
	Haematopoetisch 0.0602	0.0379	1.5880 0.6297
	Haut 0.0587	0.0000	undef 0.0000
15	Hepatisch 0.0095	0.0647	0.1471 6.7999
	Herz 0.0583	0.0550	1.0601 0.9433
	Hoden 0.0173	0.1520	0.1135 8.8080
	Lunge 0.0208	0.0491	0.4234 2.3620
	Magen-Speiseroehre 0.0387	0.0460	0.8404 1.1900
20	Muskel-Skelett 0.0360	0.0420	0.8567 1.1673
	Niere 0.0380	0.0616	0.6168 1.6213
	Pankreas 0.0314	0.0884	0.3552 2.8150
	Penis 0.0689	0.0267	2.5833 0.3871
	Prostata 0.0436	0.0490	0.8901 1.1235
25	Uterus_Endometrium 0.0541	0.0000	undef 0.0000
	Uterus_Myometrium 0.0381	0.1155	0.3301 3.0296
	Uterus_allgemein 0.0815	0.0000	undef 0.0000
	Brust-Hyperplasie 0.0831		
	Prostata-Hyperplasie 0.0446		
	Samenblase 0.0801		
	Sinnesorgane 0.0353		
30	Weisse_Blutkoerperchen 0.0520		
	Zervix 0.0532		

	FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0000
	Gastrointestinal 0.0389
	Gehirn 0.0188
40	Haematopoetisch 0.0472
	Haut 0.0000
	Hepatisch 0.0260
	Herz-Blutgefaesse 0.0498
	Lunge 0.0614
45	Nebenniere 0.0254
	Niere 0.0741
	Placenta 0.0364
	Prostata 0.0499
	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
55	Brust 0.0000
	Eierstock_n 0.1595
	Eierstock_t 0.0203
	Endokrines_Gewebe 0.0000
	Foetal 0.0093
60	Gastrointestinal 0.0366
	Haematopoetisch 0.0000
	Haut-Muskel 0.0130
	Hoden 0.0000
	Lunge 0.0164
	Nerven 0.0120
65	Prostata 0.0205
	Sinnesorgane 0.0000
	Uterus_n 0.0208

Elektronischer Nern für SEQ. ID. NO: 30

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blase 0.0078	0.0000	undef 0.0000
	Brust 0.0013	0.0000	undef 0.0000
	Duenndarm 0.0092	0.0000	undef 0.0000
	Eierstock 0.0000	0.0000	undef undef
10	Endokrines_Gewebe 0.0034	0.0000	undef 0.0000
	Gastrointestinal 0.0019	0.0000	undef 0.0000
	Gehirn 0.0000	0.0000	undef undef
	Haematopoetisch 0.0000	0.0000	undef undef
	Haut 0.0000	0.0000	undef undef
15	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef undef
	Herz 0.0011	0.0000	undef 0.0000
	Hoden 0.0000	0.0000	undef undef
	Lunge 0.0010	0.0000	undef 0.0000
20	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef undef
	Muskel-Skelett 0.0000	0.0000	undef undef
	Niere 0.0000	0.0000	undef undef
	Pankreas 0.0000	0.0000	undef undef
	Penis 0.0000	0.0000	undef undef
	Prostata 0.0109	0.0021	5.1181 0.1954
25	Uterus_Endometrium 0.0000	0.0000	undef undef
	Uterus_Myometrium 0.0000	0.0340	0.0000 undef
	Uterus_allgemein 0.0102	0.0000	undef 0.0000
	Brust-Hyperplasie 0.0000		
	Prostata-Hyperplasie 0.0000		
	Samenblase 0.0089		
30	Sinnesorgane 0.0000		
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000		
	Zervix 0.0000		

35	FOETUS %Haeufigkeit
	Entwicklung 0.0000
	Gastrointestinal 0.0000
	Gehirn 0.0000
40	Haematopoetisch 0.0000
	Haut 0.0000
	Hepatisch 0.0000
	Herz-Blutgefaesse 0.0000
	Lunge 0.0000
45	Nebenniere 0.0000
	Niere 0.0000
	Placenta 0.0000
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit	
55	Brust 0.0000	
	Eierstock_n 0.0000	
	Eierstock_t 0.0000	
	Endokrines_Gewebe 0.0000	
	Foetal 0.0000	
60	Gastrointestinal 0.0000	
	Haematopoetisch 0.0000	
	Haut-Muskel 0.0000	
	Hoden 0.0000	
	Lunge 0.0000	
	Nerven 0.0000	
65	Prostata 0.0068	
	Sinnesorgane 0.0000	
	Uterus_n 0.0000	

Elektronischer Nort für SEQ. ID. NO: 31

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blase 0.0000	0.0051	0.0000 undef
	Brust 0.0038	0.0019	2.0416 0.4898
	Duenndarm 0.0031	0.0000	undef 0.0000
	Eierstock 0.0030	0.0104	0.2878 3.4745
10	Endokrines_Gewebe 0.0034	0.0100	0.3396 2.9444
	Gastrointestinal 0.0057	0.0046	1.2425 0.8048
	Gehirn 0.0111	0.0051	2.1599 0.4630
	Haematopoetisch 0.0040	0.0000	undef 0.0000
	Haut 0.0000	0.0000	undef undef
15	Hepatisch 0.0048	0.0000	undef 0.0000
	Herz 0.0095	0.0000	undef 0.0000
	Hoden 0.0058	0.0000	undef 0.0000
	Lunge 0.0042	0.0102	0.4064 2.4605
20	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef undef
	Muskel-Skelett 0.0034	0.0060	0.5711 1.7510
	Niere 0.0163	0.0068	2.3791 0.4203
	Pankreas 0.0017	0.0000	undef 0.0000
	Penis 0.0090	0.0000	undef 0.0000
	Prostata 0.0022	0.0021	1.0236 0.9769
25	Uterus_Endometrium 0.0135	0.0000	undef 0.0000
	Uterus_Myometrium 0.0000	0.0340	0.0000 undef
	Uterus_allgemein 0.0000	0.0000	undef undef
	Brust-Hyperplasie 0.0224		
	Prostata-Hyperplasie 0.0030		
	Samenblase 0.0089		
30	Sinnesorgane 0.0000		
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0061		
	Zervix 0.0213		

	FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0000
	Gastrointenstinal 0.0028
	Gehirn 0.0125
40	Haematopoetisch 0.0000
	Haut 0.0000
	Hepatisch 0.0000
	Herz-Blutgefaesse 0.0036
	Lunge 0.0036
45	Nebenniere 0.0254
	Niere 0.0062
	Placenta 0.0303
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0126

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
55	Brust 0.0000
	Eierstock_n 0.0000
	Eierstock_t 0.0000
	Endokrines_Gewebe 0.0000
	Foetal 0.0000
60	Gastrointestinal 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000
	Haut-Muskel 0.0000
	Hoden 0.0000
	Lunge 0.0082
	Nerven 0.0000
65	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000
	Uterus_n 0.0000

2.2 Fisher-T's

Um zu entscheiden, ob eine Partial-Sequenz S eines Gens in einer Bibliothek für Normal-Gewebe signifikant häufiger oder seltener vorkommt als in einer Bibliothek für entartetes Gewebe, wird Fishers Exakter Test, ein statistisches Standardverfahren (Hays, W. L., (1991) Statistics, Harcourt Brace College Publishers, Fort Worth), durchgeführt.

Die Null-Hypothese lautet: die beiden Bibliotheken können bezüglich der Häufigkeit zu S homologer Sequenzen nicht unterschieden werden. Falls die Null-Hypothese mit hinreichend hoher Sicherheit abgelehnt werden kann, wird das zu S gehörende Gen als interessanter Kandidat für ein Krebs-Gen akzeptiert, und es wird im nächsten Schritt versucht, eine Verlängerung seiner Sequenz zu erreichen.

15

Beispiel 3

Automatische Verlängerung der Partial-Sequenz

Die automatische Verlängerung der Partial-Sequenz S vollzieht sich in drei Schritten:

1. Ermittlung aller zu S homologen Sequenzen aus der Gesamtmenge der zur Verfügung stehenden Sequenzen mit Hilfe von BLAST
2. Assemblierung dieser Sequenzen mittels des Standardprogramms GAP4 (Bonfield, J. K., Smith, K. F., und Staden R. (1995), Nucleic Acids Research 23 4992-4999) (Contig-Bildung).
3. Berechnung einer Konsens-Sequenz C aus den assemblierten Sequenzen

Die Konsens-Sequenz C wird im allgemeinen länger sein als die Ausgangssequenz S. Ihr elektronischer Northern-Blot wird demzufolge von dem für S abweichen. Ein erneuter Fisher-Test entscheidet, ob die Alternativ-Hypothese der Abweichung von einer gleichmäßigen Expression in beiden Bibliotheken aufrechterhalten werden kann. Ist dies der Fall, wird versucht, C in gleicher Weise wie S zu verlängern. Diese Iteration wird mit der jeweils erhaltenen Konsensus-Sequenzen C_i (i : Index der Iteration) fortgesetzt, bis die Alternativ-Hypothese verworfen wird (if H_0 Exit; Abbruchkriterium I) oder bis keine automatische Verlängerung mehr möglich ist (while $C_i > C_{i-1}$; Abbruchkriterium II).

Im Fall des Abbruchkriteriums II bekommt man mit der nach der letzten Iteration vorliegenden Konsens-Sequenz eine komplette oder annähernd komplette Sequenz eines Gens, das mit hoher statistischer Sicherheit mit Krebs in Zusammenhang gebracht werden kann.

Analog der oben beschriebenen Beispiele konnten die in der Tabelle I beschriebenen Nukleinsäure-Sequenzen aus Uterusmyomgewebe gefunden werden.

Ferner konnten zu einzelnen Nukleinsäure-Sequenzen die Peptidsequenzen (ORF's) bestimmt werden, die in der Tabelle II aufgelistet sind, wobei wenigen Nukleinsäure-Sequenzen kein Peptid zugeordnet werden kann und einigen Nukleinsäure-Sequenzen mehr als ein Peptid zugeordnet werden kann. Wie bereits oben erwähnt, sind sowohl die ermittelten Nukleinsäure-Sequenzen, als auch die den Nukleinsäure-Sequenzen zugeordneten Peptid-Sequenzen Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

TABELLE I

5

Sequenz ID No.:	Wahrscheinlichkeit für eine spezif. Expression im Tumorgewebe	Funktion	Länge des Ausgangs-EST in Basen	Länge der angemeldeten Sequenz in Basen	Chromosomale Lokalisation
1	97,79	Human mRNA for ornithine decarboxylase antizyme	288	779	
2	96,72	Human MEST mRNA	276	2310	
3	99,94	Human cocaine and amphetamine regulated transcript CART (hCART)	243	854	
4	99,12	Human microfibrill-associated glycoprotein (MFAP2)	291	1112	
5	96,43	Human mRNA for KIAA0108 gene	181	1051	
6	100,00	Human SPARC/osteonectin	238	1516	
7	96,72	Homo sapiens splicing factor, arginine-serine-rich 7 (SFRS7)	180	2367	
8	90,08	Human triosephosphate isomerase	268	568	
9	92,98	Human nuclear ribonucleoprotein particle (hnRNP) C	283	1775	
10	99,91	Human thymosin beta-4	277	509	
11	99,88	Human growth hormone-dependent insulin-like growth factor-binding protein mRNA	258	2191	
12	99,69	Human H19	313	1769	
13	94,47	Human cellular retinoic acid-binding protein II (CRABP)	248	1026	
14	92,61	unbekannt	273	676	
15	93,54	unbekannt	286	1254	
16	96,72	Homolog zu Homo sapiens mRNA for putatively prenylated protein	253	537	
17	90,08	unbekannt	260	823	
18	95,77	Humanes Homolog zu P. vivax pva1 gene	261	1082	
19	97,66	Human lamincan mRNA	259	1548	
20	99,78	Human 37 kD laminin receptor precursor/p40 ribosome associated protein	192	844	
21	92,95	Human YMP	256	862	
22	93,54	Human NADH-ubiquinone oxidoreductase MLRQ subunit	302	546	
23	92,98	Human mRNA for coupling protein G(s) alpha-subunit	268	1591	
24	90,08	Human hnRNP core protein A1	266	441	
25	97,74	Human HMG-17 gene for non-histone chromosomal protein	273	1131	
26	93,54	H.sapiens mRNA for prolactin (clone PRL205)	324	1071	

Sequenz ID No.:	Wahrschein- lichkeit für eine spezif. Expression im Tumor- gewebe	Funktion	Länge des Ausgangs-EST in Basen	Länge der angemeldeten Sequenz in Basen	Chromosomal Lokalisation
27	93,54	Human mRNA for neurite outgrowth-promoting protein.	296	896	
28	95,82	H.sapiens mRNA for proliferation-associated gene (pag)	304	1050	
29	96,96	H.sapiens alpha NAC	315	581	
30	93,54	unbekannt	264	264	
31	93,54	unbekannt	111	111	

TABELLE II

DNA-S qu nz n Seq. ID. No.	P ptid-Sequ nz n (ORF's) S q. ID. No.
-------------------------------	--

5	
14	32
	33
	34
15	35
	36
	37
16	38
	39
17	40
	41
	42
18	43
	44
	45
30	46
	47
31	48
	49
	50
	51

Die erfinderischen Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 31 der ermittelten Kandidatengene und die ermittelten Aminosäure-Sequenzen Seq. ID No. 32 bis Seq. ID No. 51 werden in dem nachfolgenden Sequenzprotokoll beschrieben.

Sequenzprotokoll**(1) ALLGEMEINE INFORMATION:****(i) ANMELDER:**

- (A) NAME: metaGen - Gesellschaft für Genomforschung mbH
- (B) STRASSE: Ihnestrassse 63
- (C) STADT: Berlin
- (E) LAND: Deutschland
- (F) POST CODE (ZIP): D-14195

(G) TELEFON: (030)-8413 1673
 (H) TELEFAX: (030)-8413 1674

5

(ii) TITEL DER ERFINDUNG: Menschliche Nukleinsäure-Sequenzen aus Uterusmyomgewebe

10

(iii) Anzahl der Sequenzen: 51

15

(iv) COMPUTER READABLE FORM:

- (A) MEDIUM TYPE: Floppy disk
- (B) COMPUTER: IBM PC compatible
- (C) OPERATING SYSTEM: PC-DOS/MS-DOS
- (D) SOFTWARE: PatentIn Release #1.0, Version #1.25 (EPO)

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 1:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 779 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

30

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

35

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

40

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:1

```

agcgagcagc ggcggcggcg cggagagacg cagcggaggt tttcctgggt tcggacccca 60
gcggccggat ggtaaatcc tccctgcagc ggatcctaa tagccactgc ttccggcagag120
agaaggaagg ggataaaccc agcgcacca tccacgcag ccgcaccatg ccgctccta180
gcctgcacag cccggcgccg acgagcagtg agagttccag ggttccctc cactgctgta240
gtaaaacccggg tccggggcct cggtgtgtct cctgatgccc ctcaacccacc cctgaagatc300
ccaggtgggc gagggaatag tcaaaggac cacaatctt cagtaactt attctactcc360
gatgatccgc tgaatgtaac agaggaacta acgtccaacg acaagacgag gattctcaac420
gtccagtcga ggctcacaga cgccaaacgc attaactggc gaacagtgtct gagtggcggc480
actgctctac atcgagatcc cggcgccgc gctgcccag gggagcaagg acagcttgc540
50 agttctctg ggagttcgct gaggagcagc tgcgaggccg accatgtctt aatttgcttc600
cacaagaacc ccgaggacag agccgcctt ctcggacacct tcagctttt cgggctttag660
attttgagac cggggcatcc ctttggttcc ccaagagacc cgacgcttgc ttcatgggcc720
tacaaggttc gagagagagt ctttggggag aggaagaagg attagggcc gcgtcggt 779

```

(2) INFORMATIONEN UBER SEQ ID NO: 2:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2310 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iv) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:2

25	gttctccgaa acatggagtc ctgtaggcaa ggtcttacct gaatcaggat gagggagtgg 60 tgggtccagg tggggctgct gccgtgccccc ctgtttgtcg cgtacactgca catcccaccc 120 cctcagcgct cccctgcct tcactcatgg aagtcttcag gcaagttttt cacttacaag 180 ggactgcgtta tcttcttacca agactctgtg ggtgtgggttgaagttccaga gatagttgtg 240 cttttacacg gttttccaac atccagctac gactggtaca agatttggga aggtctgacc 300
30	ttgaggttgc atcgggtgat tgcccttgat ttcttaggct ttggcttcag tgacaaaccg 360 agaccacatc actattccat atttgagcag gccagcatcg tggaaagcgct tttgcggcat 420 ctggggctcc agaaccgcag gatcaacctt ctttctcatg actatggaga tatttgggtct 480 caggagcttc tctacaggtt caaggcagaat cgatctggtc ggcttaccat aaagagtctc 540 tgtctgtcaa atggaggtat ctttcttgat actcaccgtc cactccttct cccaaagcta 600
35	ctcaaagatg gaggtgtgtct gtcacccatc ctcacacgac ttagtgaactt ctttgttattc 660 tctcgagggtc tcaccccaagt ctttggcccg tataactcgcc cctctgagag tgagctgtgg 720 gacatgtggg cagggtatccg caacaatgac gggaaacttag tcattgacag tctcttacag 780 tacatcaatc agaggaagaaa gttcagaagg cgctgggtgg gagctcttgc ctctgttaact 840 atccccatcc atttatcta tggggccattt gatcctgtaa atccctatcc agagttttt 900 gagctgtaca gaaaaacgct gccgcgggtcc acagtgtcga ttctggatga ccacatttgc 960 caactatccac agcttagagga tcccatggc ttcttgaatg catatatggg cttcatcaac 1020 tccttcttgat ctggaaagag tagttccct gtattaccc tcctactccc ttatgtgttg 1080 tgtatttccac ttaggaagaaa atgccaaaaa gaggtcttgg ccatcaaaca taattctctc 1140 acaaaagtcca ctttactcaa atttgtgaac agtgtataagg aagaagccag caggagctct 1200
45	gactaagggtt gacataatag tccacccccc attacttga tatctgtatca aatgtataga 1260 cttggctttt gtttttgtgc tattagaaaa ttctgtatgag cattactatt cactgtatgc 1320 gaaagacggtt cttttgcata aaagactttt tttaacactt tggacttctc taaaatattt 1380 agaagtgcata atttctggcc caccggccaa aggaattcta tagtaagggg gaggagaagg 1440 ggggctccctt ccctctccctc gaatgacggtt atgggcacat gcctttaaa agttctttaa 1500 gcaacacaga gctgagtcct ctttgtcata cctttggatt tagtgtttca tcagctgttt 1560
50	ttagttataa acattttgtt aaaatagata ttggttaaa tgatacagta ttttaggtat 1620 gatttaagac tatgatttac ctatacatta tatataattt ataaaagatac taaaccagca 1680 tacccttact ctgccagagt agtgaagcta attaaacacg ttgggtttct gaataaattg 1740 aactaaatcc aaactatttc ctaaaatcac aggacatcaa ggaccaatag catctgtgcc 1800 agagatgtac tggatttagc tggaaagacc aattctaaca gcaaataaca gtctgagact 1860
55	cctcataacct cagtggttag aagcatgtct ctcttgatg acatgttggagg ggaaggagg 1920 gttgtgttagt caagtcacca tgctgtatgt acactgttggc ctttatgtatg actgcttaac 1980 tccccactgc ctgtcccaga gaggcttcc aatgtatgtc agtaatttcc gttactttac 2040

5 agacaggaaa gttc aa cttaagaac aaactctgaa aga[REDACTED]ga gcaaatggtg2100
 ctgaataactt tttt aa gccacatttc attgtcttag tcaaagcagg attattaagt2160
 gattatttaa aattcgaaaa tttaaatttag caacctcaag tataacaact ttgaaactgg2220
 aataagtgtt tattttctat taataaaaaat gaattgtgac aaaaaaaaaa aaaggcttcg2280
 gctttgaag tctatgtgtg gggggggggg 2310

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 3:

- 10 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 (A) LÄNGE: 854 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear
- 15 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA
- 20 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- 25 (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:
- 30 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
- (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:3

35 ctgcacgggg gctcgggctc actataaaag gtgggagcgc gtgggtcccc agcaacgacg 60
 agtttcagaa cgatggagag ctcggcggtg aggctgctgc ccctcctggg cgccgcctg120
 ctgctgatgc tacctctgtt gggtacccgt gcccaggagg acgcccagct ccagccccga180
 gcccctggaca tctactctgc cgtggatgat gcctcccaag agaaggagct gatcgaagcg240
 ctgcaagaag tcttgaagaa gctcaagagt aaacgtgttc ccatcttatga gaagaagtat300
 ggccaagtcc ccatgtgtga cggccgttag cagtggtcag tgaggaaagg ggcaaggatc360
 gggaaagctgt gtgactgtcc ccgaggaacc tcctgcaatt ccttcctcctt gaagtgc420
 tgaaggggcg tccattctcc tccatacatc cccatccctc tactttcccc agaggaccac480
 accttcctcc ctggagttt gcttaagcaa cagataaaat ttatattttc ctctgaagg540
 aaagggtct tttcctgctg tttcaaaaat aaaagaacac attagatgtt actgtgtgaa600
 gaataatgcc ttgtatgggt ttgatacgtg tggatgtat tcttatttttta ttgtgtgac660
 45 aaactcttgt gtacctttgt gtaaagaagg gaagcttgt ttgaaaattt tttttgtat720
 tggatgttgg cagaatgaaa attagatcta gctaatctcg gtagatgtca ttacaacctg780
 gaaaataaaat caccctaagt gacacaaatt gaagcatgtt caaattatac ataataaaat840
 gtttttaata attg 854

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 4:

- 50 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 (A) LÄNGE: 1112 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear
- 55

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

5

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

10

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

10

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 4

cgccagcccc	gtcgggggcc	cggaggggac	tcggagcggg	ccaaggggcg	gctccggcgg	60	
gcccactcgg	agcgggcgcc	ggagtgaccc	ggacagctgt	cctctctgac	accaccccg	120	
cctgcctctt	tgttgccatg	agagctgcct	acctcttcct	gctattcctg	cctgcaggct	180	
tgctggctca	gggccagtat	gacctggacc	cgctgccgcc	gttccctgac	cacgtccagt	240	
acacccacta	tagcgaccag	atcgacaacc	cagactacta	tgattatcaa	gaggtgactc	300	
ctcggccctc	cgaggaacacag	ttccagttcc	agtcccagca	gcaagtccaa	caggaagtca	360	
tcccagcccc	aaccccgaaa	ccagaaaatg	cagagctgga	gcccacagag	cctggccctc	420	
ttgactgccc	tgaggaacacag	taccctgtca	ccgcctcta	ctccatacac	aggcattgca	480	
25	aacagtgtct	caacgagggtc	tgcttctaca	gcctccgccc	tgtgtacgtc	attaacaagg	540
agatctgtgt	tcgtacagtg	tgtccccatg	aggagctcct	ccgagctgac	ctctgtcggg	600	
acaagttctc	caaatgtggc	gtgatggcca	gcagcggcct	gtgccaatcc	gtggccggcct	660	
cctgtgccag	gagctgtggg	agctgtctagg	gtgggtctgg	catcctgagt	cctggccctc	720	
30	ctgggatctg	gggcctctgg	gccctgcctg	acctgggtct	ttttcccca	tccccatgtt	780
ccttttattc	tgtaaaaagt	tagtgactg	cagcccttggg	ggttgcaggc	tgcggtgcct	840	
caggcccttc	cttcagcctg	tggcacctc	tggggcacga	tggggctcc	ccactgccc	900	
gtctgcccct	cgggttgggg	gagtatccca	ggcctctctg	tggaccctg	ggccctgacg	960	
ggccttctca	gccccgtttt	aggacagaca	gtccccccgag	gtaggctaca	tccccccacc	1020	
35	ccagctggtc	tgcttggatt	tcctacagcc	ccctgtggca	tggaccacct	ttattttata	1080
	caaaataaa	aacaagttt	tacaaaaaaa	aa			1112

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 5:

45

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1051 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

50

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

50

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

55

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 5

5 gcgcaggcgc gaagaagctg gcagggcac gagccgggg cgggttgaa gacgcgtcg 60
 tgggtttgg aggccgtgaa acagccgtt gagttggct gccccgtggag aacgtttgtc 120
 agggggcccccgg ccaagaagga ggccgcctg ttacgatggt gtccatgagt ttcaagcggg 180
 10 accgcagtga ccggttctac agcaccggcgt gctgcggctg ttgccatgtc cgacccggg 240
 cgatcatcct ggggacctgg tacatggtag taaaacctatt gatggcaatt ttgctgactg 300
 tggaaagtgac tcatccaaac tccatgccag ctgtcaacat tcagttatgaa gtcattcgta 360
 attactattc gtctgagaga atggctgata atgcgtttt atggagcaat ttcttatcaa gtgggttggc 480
 ttatgtttat aatcagttca atgcgtttt tgattccatt cttctgttac cgacttttg acttcgttct cagttgcctg gttgttattt 540
 15 gttcttcac ctatttgcca agaatcaaag aatatctgga tcaactacct gatttccct 600
 acaaagatga cctcctggcc ttggactcca gctgcctcct gttcattgtt cttgttct 660
 ttgccttatt catcatttt aaggcttac taattaactg tggttggaaac tgctataaaat 720
 acatcaacaa ccgaaacgtg ccggagattg ctgtgtaccc tgccttgaa gcacccctc 780
 agtacgtttt gccaacctat gaaatggccg tgaaaatgcc tgaaaaagaa ccaccacctc 840
 20 cttacttacc tgcctgaaga aattctgcct ttgacaataa atcctataacc agcttttgt 900
 ttgtttatgt tacagaatgc tgcaatttag ggctcttcaa acttgtttag atataaaaata 960
 tggtggccct ttggtttaa agcaattttt ttccaaaac actaaggag ccttttggaa 1020
 catctgttta aacggcctt ttggttttt 1051

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 6:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1516 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

35

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

45

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 6

50 gttgtctca tccctctcat acagggtgac caggacgttc ttgagccagt cccgcattgcg 60
 caggggaaag aagatccatg agaaggagaa ggcctggag gcaggagacc accccgtgg 120
 gctgctggcc cgggacttcg agaagaacta taacatgtac atcttccctg tacactggca 180
 gtccggccag ctggaccaggc accccattga cgggtaccc tcccacacccg agctggctcc 240
 actgcgtgct cccctcatcc ccatggagca ttgcaccacc cgcttttcg agacctgtga 300
 55 cctggacaat gacaagtaca tgccttgaa tgagtggcc ggctgcttcg gcatcaagca 360
 gaaggatatac gacaaggatc ttgtgatcta aatccactcc ttccacacgta ccggattctc 420
 tcttaaccc tccccctcgt gttttttttt atgtttaaaa tggtttggatg gttttttttt 480

ctgcctggag acaacttctt aacatagatt taagtgaata catttttgt gctaaaaatg 540
 aaaattctaa cccaaatcca tgacattctt agctgttaact taacatcaa ggcctttcc 600
 acacgcatta atagtcccat ttttcttgg ccatttttag ctttgcccat tgtcttattg 660
 ggcacatggg gtggacacgg atctgctggg ctctgcctta aacacacatt gcagctcaa 720
 cttttctttagtggc tttgaaacta atacttaccg agtcagactt tgtgttcatt 780
 tcatttcagg gctttggctg cctgtggct tccccagggt gcctggaggt gggcaaagg 840
 aagtaacaga cacacgatgt tgtcaaggat gggtttggga ctagaggctc agtgggtgg 900
 gagatccctg cagaacccac caaccagaac gtggtttgc tgaggctgta actgagagaa 960
 agattctggg gctgtgttat gaaaatatacg acattctcac ataagcccag ttcatcacca 1020
 tttcctcctt taccttcag tgca gtttctt tttcacat tttcacat ggtgttgggt tcaaacttt 1080
 gggagcacgg actgtcagtt ctctggaaag tggtcagcgc atcctgcagg gcttcctc 1140
 ctctgtctt tgagaaacca gggcttctt caggggcctt aggactgcc aggctgttc 1200
 agccaggaag gccaaaatca agaggagat gtagaaagtt gtaaaataga aaaagtggag 1260
 ttggtaatc gtttggctt tcctcacat tggatgattt tcataagggtt ttttagatgt 1320
 tcctcctttt ctccaccctc ccctttttc ccccaagaat acagagaaaa ctcaaagtt 1380
 atggggaggg tcggatccta caggcctgag aatcggtcaa ctccaagcat ttcatggaa 1440
 aggccggttc ctaattaatc ctacaaaccc ccacccagga tggtaggggg tttcaccaat 1500
 tcctccaaaa ataaaa 1516

20 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 7:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2367 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

30 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

35 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 7

cggcgggact cttggcggtt gaagggtgt gtcagcttt gcgtcactcg agccctggc 60
 gctgcttgct aaagagccga gcacgcgggt ctgtcatcat gtcgcgttac gggcggtacg 120
 gaggagaaac caagggttat gttggtaacc tgggaactgg cgctggcaaa ggagagttag 180
 aaagggtttt cagttattat ggtcccttaa gaactgtatg gattgcaga aatcctccag 240
 gatttgcctt tggaaattc gaagatccta gagatgcaga agatgcaga cgaggactgg 300
 atggaaaggt gatttgcgc tcccggatgaa ggggttgaact atcgacaggc atgcctcgg 360
 45 gatcacgtt tgatagacca cctgcccggac gtcccttgc tccaaatgtt agatgttatg 420
 agtgtggcga aaagggttat tatgtttatg attgtcatcg ttacagccgg cgaagaagaa 480
 gcaggtcacg gtctagatca cattctcgat ccagaggaag ggcataactt cgctcacgca 540
 gcaggagcag gggacgaagg tcaagtcag catctccctcg acgatcaaga tctatctc 600
 ttcgtatgtc aagatcagct tcactcagaa gatcttaggtc tgggttctata aaaggatcga 660
 50 ggtatttcca atccccgtcg aggtcaagat caagatccag gtctatttca cgaccaagaa 720
 gcagccgatc aaagtccaga tctccatctc caaaaagaag tcgttccccca tcaggaagtc 780
 ctcgcagaag tgcaagtccct gaaagaatgg actgaagctc tcaagttcac cttttaggg 840
 aaagttatattt tgtttacatt attataaggg atttgtatgt tctgtaaaatg gtaacctagg 900

aaagataatt caaccat atcaaaatgg atctggatta ctatgttc tcacacgagt 960
 aagataatat aaatttttgc gaatgttata acatcatatg gctctgaaaat gtgggttttt1020
 atttggcaca tttaaataaa atgtttctaa ctagatttt gatttgttca caatattaac1080
 acttcttaat ttgatataatt tgagagtcag acattataat ttgttacacctt attcatacat1140
 5 acctacattc agaattgaaa ggtgttggtt aagtcttgc catcaactt ctatgcataa1200
 aacttggcca gatcttaag ggactttgaa aattccatct tacccttgc gctctgggt1260
 agatgacctg agtcccttat gatacagcct gaatgcata tgacagatcc ttaagtttagc1320
 taatccgttt gaagttgggtt ttgtatgatc agtggtaaag caagttaggac1380
 cactgatgtg tctaaatgag catgacagga actaaacgaa actgattaaa tgtatgaga1440
 10 atagaaactg atttctggat gatcttata ctaattgcag ctttcaggct actaggtggc1500
 atagtgttaa tttaggactcc ccaagatatg gggagttcta ctctcaatgg tcttggct1560
 ttgctttcta cattagttaa ccagtttat accaaaaaat gcatgttgc ggaattgtct1620
 gaaattggga caaaaacacct tcatgtaaac cagcttgc aaaaaaaaaa gcccagatac1680
 tcttcatacta ttcaaaatggc ttgtcttatt ctgagcaaag acctgttgc aatctcaag1740
 15 cttagtttg cagttcccaa ccacaacatt ttcttattt gccaggctgg tgcaaagtaa1800
 ttaaagatgt caatcagaaa tgtcaatgag actaaagtgg ttttgcataat ctcaagctata1860
 tttagcaaca ctccatgttag ctaatatttt ttggtagcat ctggtagacc tttagaatgtt1920
 acatagccag tagttctt attcaaattt taagtatctt aagaatagta gggcagtaac1980
 20 agttactttt gagagtttc tggcaagct ttaccaggc attctctagc cttggcacaa2040
 aaaaaaaaaa aacctgctgg ttgcgcagat acctaggc ttccatttt tgcatttcag2100
 caaagtcatgg ggtactatt gcaacttggg aatactggc tgcatcaagt ttattcggt2160
 gtttgcaccgc tagtatgtt gaaaggattt ggattttt tggatatttgc actggctgaa2220
 ttatggttgg tataaagttt tttgtataac tggcaggc ttatctgt tgcaattgg2280
 tagcttaat ttgttctgtat tattaaaga taagtttact caacaataaa tctgcagaga2340
 ttgaacaaat aaaaaaaaaa aaaaaaaa 2367

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 8:

- 30 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 (A) LÄNGE: 568 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear
- 35 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA
- 40 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- 45 (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:
- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
- 50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 8

ctcgagccgt gggcagtggc cgccaatgcg cggagacact gacccatgc gcctcggctc 60
 cagcgccatg gcgccttcca ggaagttctt cttggggga aactggaaaga tgaacggcg120
 gaagcagagt ctggggggagc tcatcggcac tctgaacgcg gccaagggtgc cggccgacac180
 55 cgagggtttt tttgtcccccttactgccta tatcgacttc gcccggcaga agctagatcc240
 caagattgtt gttgtgcgc agaactgcata caaagtgtact aatggggctt ttactggga300
 gatcagccct ggcatgatca aagactgcgg agccacgtgg gtggccttgc ggcactcaga360
 gagaaggcat gtcttgggg agtcagatga gctgattggg cagaaagtgg cccatgctct420

ggcagaggga ctcgtaaa tcgcctgcat tggggagaag cta aaa gggaaagctgg480
 catcactgag aatgtttt tcgacgacaa aaggtcattc ggg act tgaaggactg540
 gatcaagttc gtcctggcct gttggcct 568

5 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 9:

10 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1775 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

20 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iv) ANTI-SENSE: NEIN

25 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 9

30 ctcgggggcc attttgtaaa gagacgaaga ctgagcggtt gtggccgcgt tgccgacctc 60
 cagcagcagt cggcttctct acgcagaacc cgggagtagg agactcagaa tcgaatctct 120
 tctccctccc cttcttgta gattttttg atcttcagct acatttcgg ctttgata 180
 aaccttacca tcaaacacga tggccagcaa cgttaccaac aagacagatc ctcgcctccat 240
 gaactcccggt gtattcattt ggaatctcaa cactcttgcgt gtcaagaaat ctgatgtgga 300
 ggcaatcttt tccaagttatg gcaaaattgt gggctgcctc gttcataagg gctttgcctt 360
 cgttcagttat gtaatgaga gaaatgcccgg gctgtgtta gcaggagagg atggcagaat 420
 gattgtggc cagggttttag atattaacct ggctgcagag caaaaagtga accgagggaaa 480
 agcaggtgtg aaacgatctg cagcggagat gtacggctcc tctttgact tggactatga 540
 ctttcaacgg gactattatg ataggatgtt cagttacca gcacgtgtac ctcctccctcc 600
 tccttattgtc cgggctgttag tgccctcgaa acgtcagcgt gtatcaggaa acacttcacg 660
 aaggggcaaa atggcttca attctaagag tggacagcgg ggatcttcca agtctggaaa 720
 gttaaaagga gatgaccttc aggccattaa gaaggagctg acccagataa aacaaaaaat 780
 ggattctctc ctggaaaacc tggaaaaaat tgaaaagaa cagagcaaacc aagcagtaga 840
 gatgaagaat gataagtca gaggaggaca gagcagcgc tccgtgaaga aagatgagac 900
 taatgtgaag atggagtctg aggggggtgc agatgactt gctgaggagg gggacctact 960
 45 ggatgtatgat gataatgaag atcggggggta tgaccagctg gagttatca aggtatgtgaa 1020
 aaaagaggct gaggaaggag aggtatgacag agacagcgc aatggcgagg atgactctta 1080
 agcacatagt ggggtttaga aatcttatcc cattattttt ttaccttaggc gcttgcataa 1140
 gatcaaattt ttccccat cctctccctt agtatttca gcacatgctc actgttctcc 1200
 50 ccatttttgt cttccatgt ttcatattt catattggcc cgcgcctagt cccattttca 1260
 cttcctttga cgttccatgt agttttgtt agtcttaccc tggatattttt gcttttaatt 1320
 ttgataaccc ttatgtactt aacaataaaa aggatgtatg gtttttatca actgttccaa 1380
 aaataatctc ttgttatgca gggagtagat ttcttttcat tcatacataa gttcagtagt 1440
 tgcttcccta actgcaaaagg caatcttatt tagttgatgta gcttgcgtt gcaatgtt 1500
 gttagaagta tttgtgttac accctccat tagttgtgtt gttttttttt gttttttttt 1560
 55 atgttaacaat gtatgtttgtt gaatgagatg tggcatgtca aatgcatttctt ctatgtttttt 1620
 aatttagtgtt atagtctttaa gattttttttt ctaaaatgttta tactgtgggt tattttttttt 1680
 aacagccctga ttgtttttttt cttttttttt cttttttttt cttttttttt aatgttccat taaaccaggaa 1740
 atttggagaa aaaaaaaaaaaaaaaa aaaaaaaaaaaaaaaa aaaaaa 1775

5 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 10:

10 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 509 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

20 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

25 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

30 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:10

40 caggtcgagt gggcaactgcg cagaccagac ttcgctcgta ctgcgtgcgc tcgcttcgct 60
tttcctccgc aaccatgtct gacaaaacccg atatggctga gatcgagaaa ttgcataagt120
cgaaactgaa gaagacagag acgcaagaga aaaatccact gccttccaaa gaaacgattg180
aacaggagaa gcaagcagggc gaatcgtaat gaggcgtgcg ccgccaatat gcactgtaca240
ttccacaaggc attgccttct tattttactt ctttttagctg tttttactttg taagatgcaa300
agaggttggaa tcaagtttaa atgactgtgc tgcccctttc acatcaaagg gactacttga360
acaacggaaag gggcgcggcc tacctttccc atctgtctat ctatctggct ggcagggaaag420
ggaagagttg caggttgggt aggaagaagt ggggtggaaag aagttggatg gggccggcagt480
aaaacttggg taaaccgaac ttggccaag 509

45 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 11:

50 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2191Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE WERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 11

5 actgagcggag ggccaggccgt gcggcatctta caccgagcgc tgggtcccg gccttcgctg 60
 ccagccgtcg cccgacgagg cgccgaccgct gcaggcgctg ctggacggcc gcgggctctg 120
 cgtcaacgct agtgcgcgtca gccgcctgcg cgcctacctg ctgccagcgc cgccagctcc 180
 aggaaatgct agtgagtccg aggaagaccg cagcgcggc agtgtggaga gcccgtccgt 240
 10 ctccagcacg caccgggtgt ctgatcccaa gttccacccc ctccattcaa agataatcat 300
 catcaagaaa gggcatgcta aagacagcca gcgctacaaa gttgactacg agtctcagag 360
 cacagatacc cagaacttct cctccgagtc caagcgggag acagaatatg gtccctgccc 420
 tagagaaatg gaagacacac tgaatcacct gaagttcctc aatgtgctga gtcccagggg 480
 tgtacacatt cccaaactgtg acaagaaggg atttataag aaaaagcagt gtcgccccttc 540
 15 caaaggcagg aagcggggct tctgctggtg tggataag tatgggcagc ctctcccagg 600
 ctacaccacc aaggggaaagg aggacgtgca ctgctacagc atgcagagca agtagacgcc 660
 tgccgcagg ttaatgtgta gctcaaatat gccttatttt gcacaaaaga ctgccaagg 720
 catgaccaggc agctggctac agcctcgatt tatatttctg tttgtggta actgatttt 780
 tttaaaccaa agtttagaaa gaggttttg aaatgcctat ggtttctttg aatggtaaac 840
 ttgagcatct tttcacttcc cagtagtcag caaagagcag tttgaatttt cttgtcgctt 900
 cctatcaaaa tattcagaga ctcgagcaca gcacccagac ttcatgcgcg cgtggaatgc 960
 tcaccacatg ttggcgaag cggccgacca ctgactttt gacttaggcg gctgtgtgc1020
 ctatgttagag aacacgcttc acccccactc cccgtacagt ggcacaggc tttatcgaga1080
 ataggaaaac cttaaaccc cggtcatccg gacatcccaa cgcacgtctcc tggagctcac1140
 agccttctgt ggtgtcattt ctgaaacaag ggcgtggatc cctcaaccaa gaagaatgtt1200
 tatgtcttca agtgacctgt actgcttggg gactatttga gaaaataagg tggagtccta1260
 ctgtttaaa aaatatgtat ctaagaatgt tctaggccac tctggaaacc tataaaggca1320
 ggtatttcgg gccctcttc tcagaatct tcctgaagac atggcccagt cgaaggccc1380
 ggatggctt tgctgcggcc ccgtgggta ggagggacag agagacaggg agagtccgc1440
 30 tccacattca gaggcatcac aagtaatggc acaattttc ggatgactgc agaaaatagt1500
 gttttgttgt tcaacaactc aagacgaagc ttattttctga ggataagctc tttaaaggca1560
 aagctttatt ttcatctctc atctttgtc ctccttagca caatgtaaaa aagaatagt1620
 atatcagaac aggaaggagg aatggcttgc tggggagccc atccaggaca ctgggagcac1680
 atagagattc acccatgttt gttgaactta gagtcatttc catgctttc tttataattc1740
 35 acacatatat gcagagaaga tatgttcttg ttaacattgt atacaacata gccccaaata1800
 tagtaagatc tatacttagat aatcctagat gaaatgttag agatgctata tgataacaact1860
 gtggccatga ctgagggaaag gagtcacgc ccagagactg ggctgctctc ccggaggcc1920
 aacccaagaa ggtctggcaa agtcaggctc agggagactc tgcctgtc cagacactcgg1980
 tggacaca cgcgtcatag agctctctt gaaaacagag gggctcaag acattctgcc2040
 40 tacctattag cttttcttta ttttttaac ttttgggg gaaaagtatt tttgagaagt2100
 ttgtcttgca atgtatttat aaatagtaaa taaagtttt accattaaaa aaaaaggag2160
 taaaaagaaaa aaaaaggccg gcccggact a 2191

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 12:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1769 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

55

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT: 
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

5 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 12

10	attatttaca tttcaaaaata atccccctta atcgaaaaac tcctaagttc attaccattg 60 ttggcccccacc ttägggttcca ccactgggtt gttaccccccag ccctgggttc aaacaggac 120 atggcaaggg gacacaggac agaggggtcc ccagctgcca cctcacccac cgcaattcat 180 tttagtagcag gcacaggggc agctccggca cggcttttcc aggcctatgc cggagctcg 240 agggctggag agcgggaaga caggcagtgc tcggggagtt gcagcaggac gtcaccagga 300 gggcgaacgg ccacgggagg ggggccccgg gacattgcgc agcaaggagg ctgcaggggc 360 tcggcctgca ggcggccgtc ccacgaggca ctgcggccca gggctgggtg cggagaggc 420 ccacagtggc cttggtgacg ctgtatgc ccaaccgtca gcccctgggg ctggcttggc 480 agacagtaca gcatccaggc gagtcaaggg catggggcga gaccagacta ggcgaggcgg 540 gcggggcggc gtgaatgagc tctcaggagg gaggatggg caggcagggg tgaggagcgc 600 agggggcggc gagcgggagg cactggcctc cagagccgt ggccaaggcg ggcctcgcc 660 gcggcggcgg agccgggatc ggtgcctcag ctgggggtc ggagacgagg ccaggttc 720 agctgggtg gacgtgccc ccagctgccc aaggcaagac gccaggccg gtggacgtga 780 caagcaggac atgacatggt ccgggtgtac ggcgaggaca gaggaggcgc gtccggcc 840 cctgaacacc tttaggctggt ggggctgccc caagaagcgg gtctgttctt taacttctc 900 cacggatcg gcacactatg gtcgcctct gggctccca aaccacaaat atgaaagaaa 960 tgggtctacc cagctcaagc ctggggcttt gaatccggac aaaaaaccct ctagcttggal020 aatgaatatg ctgcacttta caaccactgc actacactgac tcaggaatcg gctctgaaag1080 gtgaagctag aggaaccaga cctcatcagc ccaacatcaa agacaccatc ggaacagcag1140 cgccccggc acccaccggc caccggcgcac tccatcttca tggccaccccc ctgcggccg1200 cggttgcacca ccagccacca catcatccca gagctgagct cctcagccg gatgacgccc1260 tccccacccac ctcctcttc ttcttttca tccttctgtc tctttgttcc tgagcttcc1320 tgtctttctt ttttctgag agattcaaag cctccacgac tctgtttccc cctgtcccttc1380 tgaatttaat ttgcactaag tcatttgcac tgggtggagt tgtggagac gccttggatc1440 tcagtagcag tggcgttgc gttgagccac cttggcaagt gcctgtgcag gggccggccg1500 ccctccatct gggccgggtg actggcgcgc ggctgtgtc ccgaggccctc accctggcc1560 cgccttagtct ggaagctccg accgacatca cggagcagcc ttcaagcatt ccattacgccc1620 ccatctcgct ctgtggccct cccacccagg gttcagcag gggcccttggc ctcatcatcatc1680 ataaacactg ttacagcaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaaaal740 aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 1769
----	---

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 13:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1026 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

55 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 13

10 aaaagctgtc cgcgccccca gcccaggccc agctttgggg ttgtccctgg acttgtctg 60
 gttccagaac ctgacgaccc ggcgacggcg acgtctctt tgactaaaaaag acagtgtcca 120
 gtgctccagc ctaggagtc acggggaccg cctccgcgc cggcaccatg cccaaactct 180
 ctggcaactg gaaaatcatc cgatcgaaaa acttcgagga attgctcaaa gtgctgggg 240
 tgaatgtat gctgaggaag attgctgtgg ctgcagcgta caagccagca gtggagatca 300
 aacaggaggg agacacttac tacatcaaaa cctccaccac cgtgcgcacc acagagatta 360
 15 acttcaaggt tggggaggag tttgaggagc agactgtgga tggaggccc tgtaagagcc 420
 tggtaaatg ggagagtgag aataaaatgg tctgtgagca gaagctctg aagggagagg 480
 gcccccaagac ctcgtggacc agagaactga ccaacgatgg ggaactgatc ctgaccatga 540
 cggcgatga ctgtgtgtgc accagggctc acgtccgaga gtgagtggcc acaggtagaa 600
 ccgcggccga agccccaccac tggccatgtc caccgcctg cttaactgc ccctccgtcc 660
 20 ccccccctcc ttcttagata ggcgtccccct taccctcgatc acttctgggg gtcactggga 720
 tgcctcttgc agggtcttgc ttctttgac ctcttcttc ctcccttaca ccaacaaaga 780
 ggaatggctg caagagccca gatcacccat tccgggttca ctcccccgcct ccccaagtca 840
 gcagtcctag ccccaaaccac gcccagagca gggtctctt aaaggggact tgagggcctg 900
 agcagggaaag actggccctc tagttctac ctttgcctt tgtagcctat acagttttaga 960
 atatttattt gtaattttt ttaaaatgct taaaaaaaaat aaaaaaaaaaaaaaaa1020
 25 aaa 1026

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 14:

30 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 676 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA


 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN


 (iii) ANTI-SENSE: NEIN


 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

45 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 14

55 ggccattttgc tgaagagacg aagactgagc ggttgtggcc gcgttgccga cttccagcag 60
 cagtcggctt ctctacgca gacccggag taggagactc agaatcgaat ctcttctccc120
 tcccttctt gggcagcaag gcgaacccca tccctactca ctggagctca gctttgattt180
 ttaacccccc ttccccaccc ttccagaaca cacacatcc attccaaaac tgattttata240
 aagacatttt aaacataatg atgcaacttg gtgtgcacta cagcaaatgt acaggtgtt300

ttttttaat tgttc accgggacct ggatttaaga tgtaat aaaatttcta 360
 tttctatccc ttccggcagca gttgggttag aggaggagga gccttttagc ctccccagaaa 420
 ctgaccctctc tacttcctcg tgtatTTTA agattgattg atgatgtgga aagggcttg 480
 cttgtctgct actgaaaact ttatcctgc gtttttggta gaactgcgt tggaaagaga 540
 aaagaaatga actttactga cttgacattt tgcacccccc gttttcgaa tctggcaat 600
 ttaatTTTg gtttacagt gagagtttt gatctcagca cagaagtaat ccaatTTT 660
 ttagcattt ccgact 676

10. (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 15:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1254 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYPE: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 15

cggtcgagc agctcgagcg gctcaaacac ctcatttgac cttgccagct gacttcaaa 60
 ccctgcattt gaaccgacca acattaagtc cagagagaa acttgaatgg aataacgaca 120
 ttccagaagt taatcatTTG aattctgaac actggagaaa aaccgaaaaa tggacggggc 180
 atgaagagac taatcatctg gaaaccgatt tcagtggcga tggcatgaca gagctagac 240
 tcggggccag ccccaggctg cagccatTC gcaggcaccc gaaagaactt ccccaagtatg 300
 gtggccttgg aaaggacatt tttgaagatc aactatatct tcctgtgcatt tccgatggaa 360
 tttcagttca tcagatgttc accatggcca ccgcagaaca ccgaagtaat tccagcatag 420
 cggggaaagat gttgaccaag gtggagaaga atcacgaaaa ggagaagtca cagcacctag 480
 aaggcagegc ctcccttca ctctctctg attagatgaa actgttaccc taccctaaac 540
 acagtatttcc ttttaactt ttttattttgt aaactaataa aggttaatcac agccaccaac 600
 attccaaagct accctgggtt cctttgtgcgtt gtagaaagctt gtgagcatgt gagcaagcgg 660
 tttgtgcacacg gagactcatac gttataattt actatctgcc aagagtagaa agaaaggctg 720
 gggatatttgc ggttggctt gttttgattt tttgttgcattt tttttgtttt gtactaaaac 780
 agtattatct tttgaatatac gttagggacat aagtatatac atgttatcca atcaagatgg 840
 ctagaatgtt gcctttctga gtgtctaaaa cttgacaccc ctggtaaattt tttcaacaca 900
 cttccactgc ctgcgtaatg aagtTTTgtat tcattttaa ccactggaat ttttcaatgc 960
 cgtcattttc agtagatga ttttgcactt tgagattaa atgcccatttgc tatttgattt 1020
 gtcttattttt tttatTTTA caggcttatac agtctcactg ttggctgtca ttgtgacaaa 1080
 gtcaaataaa cccccaaggaa cgacacacag tatggatcac atattgttg acattaagct 1140
 tttgccagaa aatgttgcattt gtgtttacc tcgacttgcgtt aaaatcgattt agcagaaaagg 1200
 catggctaat aatgttgcattt gtgaaaataa ataaataaagt aaacaaaaag aaaa 1254

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 16:

- 5 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 (A) LÄNGE: 537 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzeln
 (D) TOPOLOGIE: linear
- 10 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA
- 15 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- 20 (iv) ANTI-SENSE: NEIN
- 25 (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:
- 30 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
- 35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 16

25 ggcccgggcc cccaccctcg acatgcgctt ccggcgacgc cttagcgctg acccccacgc 60
 aacccagcga aactccgcgg aggccgcgcgg cacgatggac ggtcggggtgc agctgatgaal20
 ggccctcctg gccgggcccc tccggcccg gcgcgcgtcgc tgaggaacc cgattccctt180
 tcccggagacg tttgacggag ataccgaccg actcccgag ttcatcggtgc agacgtgctc240
 ctacatgttc gtggacgaga acacgttctc caacgacgccc ctgaagggtga cgttcctcat300
 caccggccctc acggggccag ccctgcagtg ggtgatcccc tacatcagga aggagagccc360
 cctgctcaat gattaccggg gctttctggc cgagatgaag cgagtcttg gatgggagga420
 ggacgaggac ttcttaggccc ggagaccctc gggcctgggg gccgggtgctc tgggaagagt480
 tcgctgtgcc agtggccacc gctagggtct ccacaggcgc cctccccagg gaatgct 537

35 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 17:

- 40 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 (A) LÄNGE: 823 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzeln
 (D) TOPOLOGIE: linear
- 45 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA
- 50 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- 55 (iv) ANTI-SENSE: NEIN
- 60 (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:
- 65 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BELEIBUNG: SEQ ID NO: 17

5 tagactgaac aggaggggaa gtcctggta gcgcgccgt ctaaatcggt acttggcgga 60
 aagttccat gagtcttcgc cagcgtcccc ctccctttgt gaggattggg atattccgac120
 tccttaaggg cctggcgcac ataagggtgtg acctttcat tcccgttgtt atggagggcc180
 acatctgcca gacgcctggag tctgcgaagg ccgggaccgg gttccccggc ccacagtggg240
 ggtgtcaaa cccgagagaa ctgggttgc aattcgtgaa gaatcagcat catgttggc300
 10 agctgagtat tggagccagg agcctgccc gaggtttga gaacagagtg ctgttttaga360
 gctggcagca gcatctcagc ccaagagaag gttatattcc cagaggatgt cagtccaaag420
 gaccagtagc tgccatcagt ttggattctg aaaactaact ggcataaca ctgggtgttag480
 aaacatgctt gccttatgta tcagaggaca tgctcagcag atccaaagaga tatatttggc540
 aacttttctt agaaaaggca cattgggtat cattcattac attcttgagg ttttttggg600
 tttttttttt ttttttttga gacagtctt ctgtattgcc caggctggga gtgtgtggc660
 15 acaatcacag ctcattgcatt cctcaatcac ccagggccta agcaatcctc ccaccttgc720
 gctggacta cagctcacag cacaccggc taaaattttt ttttggtag acggtttttc780
 tatgttgcggg gggtggtttt cagggtccgg ggttcagatg gtc 823

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 18:

- 20 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 (A) LÄNGE: 1082 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear
- 25 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA
- 30 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- 35 (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:
- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
- (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 18

45 gggcgacat aagggtgtgac ctttcattc ccgttggat ggaggggccac atctgccaga 60
 gcctggagtc tgcaaggcc gggaccggc tccccggccc acagtggggg tggcaaaacc 120
 cgagagaact ggtcgctgaa acctctacaa cttagttgac cgtaactgccc agagccctgc 180
 cctgaattcc tggcttact ccctctttaa gattgcgtac ccaactgcaga gtgctgaaga 240
 cggggtagcc acggaggttgc aaattcgtga agaatcagca tcatgtttgg cagctgagta 300
 ttggagccag gacgcctgcca tgaggtttt agaacagagt gctgttttag agctggcagc 360
 50 agcatctcag cccaaagagaa gtttatattc ccagaggatg tcaatccaa ggaccaggtag 420
 ctgccatcag tttggattct gaaaactaac tggcatcaac actgggtgtt gaaacatgct 480
 tgccttatgt atcagaggac atgcgtcagca gatccaagag atatatttgg caacttttc 540
 tagaaaaggc acattgggttca tcattcatta cattcttgag tttttttggg tttttttttt 600
 ttttttttga gacagtctt ctgtattgcc caggctggag tgggtggca caatcacagc 660
 55 tcattgcattc ctcaatcacc caggcctaag caatccccc accttgcgtc tgggactaca 720
 gctcacagca cacctggctt aaattttttt ttttggtaga cggattctct atgttgccca 780
 ggctggcttc aggctctgg gctcagatgg tcctcctgcc tcaagttcca aaggcacagg 840
 ccaagtgtta gctttgtccc ttgcattcat gccccaaacaaag aggttctata ccttttaatg 900

aattgacttt cata~~tgg~~ ttatgttgg gggcaagttc ttt tgg aaattgtaaa 960
 ttcctcctga aatg~~ttt~~ catgcagtta ccatgaacta ata aat aaaggatggt1020
 ctgggtgtc aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaagaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa1080
 aa 1082

5

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 19:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1548 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

15

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iv) ANTI-SENSE: NEIN

20

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

25

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 19

30	cccatccat aggaaatgag ctgggctgtc ctttctcccc acgttacacct gcacttcgtt 60
	agagagcagt gttcacatgc cacaccacaa gatccccaca atgacataac tccattcaga 120
	gactggcggt actgggctgg gtctccccac ccccccccttc agctcttgta tcactcagaa 180
	tctggcagcc agttccgtcc tgacagagtt cacagcatat attgggtggat tcttgccat 240
	agtgcacatcg cttaagaat taacaaagc agtgtcaaga cagtaaggat tcaaaccatt 300
35	tgccaaaaat gagtctaagt gcatttactc tcttcctggc attgattgggt ggtaccagt 360
	gccagtacta tgattatgat tttcccstat caatttatgg gcaatcatca ccaaactgtg 420
	caccagaatg taactgccc gaaagctacc caagtccat gtactgtgat gagctgaaat 480
	tgaaaagtgt accaatgggt cctcttgaa tcaagtatct ttaccttagg aataaccaga 540
	ttgaccatat tgatgaaaag gccttgaga atgtaactga tctgcagtgg ctcattctag 600
	atcacaacct tctagaaaac tccaagataa aagggagagt tttctctaaa ttgaaacaac 660
	tgaagaagct gcatataaaac cacaacaacc tgacagagtc tggggccca cttccaaat 720
	ctctggagga tctgcagctt actcataaca agatcacaaa gctggctct tttgaaggat 780
	tggtaaacct gacccatc catctccagc acaatcggt gaaagaggat gctgtttag 840
45	ctgctttaa aggtctaaa tcactcgaat accttgactt gagcttcaat cagatagcca 900
	gactgccttc tggctccct gtctctttc taactctcta cttagacaac aataagatca 960
	gcaacatccc tggatgatgt ttcaagcgtt ttaatgcatt gcagtatctg cgtttatctc1020
	acaacgaact ggctgatagt ggaataccctg gaaattctt caatgtgtca tccctgggtg1080
	agctggatct gtcctataac aagctaaaa acataccacat tggatgaa aaccttggaa1140
50	actattaccc ggaggtcaat caacttgaga agtttgacat aaagagcttc tgcaagatcc1200
	tggggccatt atcctactcc aagatcaac atttgcgtt ggatggcaat cgcacatctc1260
	aaaccaggctt ccaccggat atgtatgaaat gtctacgtgt tgctaacgaa gtcactctt1320
	attaatatct gtatcctgga acaatatttt atggttatgt tttctgtgt gtcagtttc1380
	atagtatcca tattttatta ctgttattt cttccatgaa tttaaaatc tgaggaaat1440
55	gttttggaaa catttatttt tttttaaagg aaaaggatgg aaaggccagg gcctaatttc1500
	catccaccaa ggaacacacc acattattcc acggaatagg ccatcggg 1548

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 20:

Elektronischer Notfallbericht für SEQ. ID. NO: 3

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse
5	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T T/N
	Blase 0.0000	0.0000	undef undef
	Brust 0.0000	0.0000	undef undef
	Duenndarm 0.0000	0.0000	undef undef
	Eierstock 0.0000	0.0000	undef undef
10	Endokrines_Gewebe 0.0000	0.1103	0.0000 undef
	Gastrointestinal 0.0000	0.0000	undef undef
	Gehirn 0.0140	0.0010	13.6792 0.0731
	Haematopoetisch 0.0000	0.0000	undef undef
	Haut 0.0000	0.0000	undef undef
15	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef undef
	Herz 0.0000	0.0000	undef undef
	Hoden 0.0000	0.0000	undef undef
	Lunge 0.0000	0.0000	undef undef
20	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef undef
	Muskel-Skelett 0.0000	0.0000	undef undef
	Niere 0.0000	0.0000	undef undef
	Pankreas 0.0000	0.0000	undef undef
	Penis 0.0000	0.0000	undef undef
	Prostata 0.0000	0.0000	undef undef
25	Uterus_Endometrium 0.0000	0.0000	undef undef
	Uterus_Myometrium 0.0000	0.0815	0.0000 undef
	Uterus_allgemein 0.0000	0.0000	undef undef
	Brust-Hyperplasie 0.0000		
	Prostata-Hyperplasie 0.0030		
	Samenblase 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		
30	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000		
	Zervix 0.0000		

	FOETUS	%Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0000	
	Gastrointenstinal 0.0028	
40	Gehirn 0.0000	
	Haematopoetisch 0.0000	
	Haut 0.0000	
	Hepatisch 0.0000	
	Herz-Blutgefaesse 0.0000	
45	Lunge 0.0000	
	Nebenniere 0.0000	
	Niere 0.0000	
	Placenta 0.0000	
	Prostata 0.0000	
	Sinnesorgane 0.0000	

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
55	Brust 0.0000	
	Eierstock_n 0.0000	
	Eierstock_t 0.0000	
	Endokrines_Gewebe 0.0000	
	Foetal 0.0000	
60	Gastrointestinal 0.0000	
	Haematopoetisch 0.0000	
	Haut-Muskel 0.0000	
	Hoden 0.0000	
	Lunge 0.0000	
65	Nerven 0.0090	
	Prostata 0.0137	
	Sinnesorgane 0.0000	
	Uterus_n 0.0000	

Elektronischer Nern für SEQ. ID. NO: 4

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blase 0.0078	0.0077	1.0170 0.9833
	Brust 0.0026	0.0038	0.6805 1.4694
	Duenndarm 0.0031	0.0165	0.1854 5.3946
	Eierstock 0.0060	0.0026	2.3025 0.4343
10	Endokrines_Gewebe 0.0000	0.0000	undef undef
	Gastrointestinal 0.0000	0.0046	0.0000 undef
	Gehirn 0.0007	0.0031	0.2400 4.1669
	Haematopoetisch 0.0000	0.0000	undef undef
	Haut 0.0000	0.1695	0.0000 undef
15	Hepatisch 0.0000	0.0065	0.0000 undef
	Herz 0.0095	0.0412	0.2313 4.3235
	Hoden 0.0000	0.0000	undef undef
	Lunge 0.0021	0.0041	0.5080 1.9684
20	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0077	0.0000 undef
	Muskel-Skelett 0.0017	0.0120	0.1428 7.0040
	Niere 0.0027	0.0000	undef 0.0000
	Pankreas 0.0033	0.0055	0.5983 1.6714
	Penis 0.0030	0.0000	undef 0.0000
	Prostata 0.0000	0.0021	0.0000 undef
25	Uterus_Endometrium 0.0068	0.0000	undef 0.0000
	Uterus_Myometrium 0.0152	0.0883	0.1727 5.7919
	Uterus_allgemein 0.0051	0.0000	undef 0.0000
	Brust-Hyperplasie 0.0032		
	Prostata-Hyperplasie 0.0030		
	Samenblase 0.0000		
30	Sinnesorgane 0.0118		
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000		
	Zervix 0.0000		

	FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0278
	Gastrointenstinal 0.0139
	Gehirn 0.0000
40	Haematopoetisch 0.0000
	Haut 0.0000
	Hepatisch 0.0000
	Herz-Blutgefaesse 0.0213
	Lunge 0.0253
45	Nebenniere 0.0000
	Niere 0.0185
	Placenta 0.0061
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit	
55	Brust 0.0068	
	Eierstock_n 0.0000	
	Eierstock_t 0.0000	
	Endokrines_Gewebe 0.0000	
	Foetal 0.0093	
60	Gastrointestinal 0.0122	
	Haematopoetisch 0.0000	
	Haut-Muskel 0.0130	
	Hoden 0.0000	
	Lunge 0.0000	
	Nerven 0.0000	
65	Prostata 0.0000	
	Sinnesorgane 0.0000	
	Uterus_n 0.0000	

Elektronischer Notfallbericht für SEQ. ID. NO: 5

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blase 0.0390	0.0332	1.1734 0.8522
	Brust 0.0345	0.0414	0.8352 1.1973
	Duenndarm 0.0399	0.0662	0.6024 1.6599
	Eierstock 0.0359	0.0546	0.6579 1.5201
10	Endokrines_Gewebe 0.0528	0.0351	1.5040 0.6649
	Gastrointestinal 0.0172	0.0185	0.9319 1.0731
	Gehirn 0.0214	0.0359	0.5965 1.6763
	Haematopoetisch 0.0294	0.0379	0.7763 1.2881
	Haut 0.0257	0.1695	0.1516 6.5954
15	Hepatisch 0.0476	0.0323	1.4706 0.6800
	Herz 0.0276	0.0000	undef 0.0000
	Hoden 0.0633	0.0234	2.7059 0.3696
	Lunge 0.0312	0.0266	1.1724 0.8530
	Magen-Speiseroehre 0.0387	0.0153	2.5211 0.3967
20	Muskel-Skelett 0.0308	0.0360	0.8567 1.1673
	Niere 0.0326	0.0548	0.5948 1.6813
	Pankreas 0.0132	0.0221	0.5983 1.6714
	Penis 0.0479	0.0000	undef 0.0000
	Prostata 0.0153	0.0319	0.4777 2.0934
25	Uterus_Endometrium 0.0473	0.0528	0.8962 1.1158
	Uterus_Myometrium 0.0305	0.1019	0.2993 3.3415
	Uterus_allgemein 0.0560	0.1908	0.2936 3.4065
	Brust-Hyperplasie 0.0448		
	Prostata-Hyperplasie 0.0446		
	Samenblase 0.1513		
	Sinnesorgane 0.0235		
30	Weisse_Blutkoerperchen 0.0061		
	Zervix 0.0426		

	FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0974
	Gastrointestinal 0.0222
	Gehirn 0.0000
40	Haematopoetisch 0.0197
	Haut 0.0000
	Hepatisch 0.0000
	Herz-Blutgefaesse 0.0356
	Lunge 0.0325
45	Nebenniere 0.0000
	Niere 0.0185
	Placenta 0.0909
	Prostata 0.1496
	Sinnesorgane 0.0126

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
55	Brust 0.0136
	Eierstock_n 0.0000
	Eierstock_t 0.0051
	Endokrines_Gewebe 0.0000
	Foetal 0.0099
60	Gastrointestinal 0.0122
	Haematopoetisch 0.0000
	Haut-Muskel 0.0324
	Hoden 0.0231
	Lunge 0.0328
	Nerven 0.0131
65	Prostata 0.0068
	Sinnesorgane 0.0077
	Uterus_n 0.0208

Elektronischer Nern für SEQ. ID. NO: 6

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blase 0.0429	0.1278	0.3356 2.9798
	Brust 0.1036	0.1203	0.8613 1.1610
	Duenndarm 0.0215	0.0992	0.2163 4.6240
	Eierstock 0.0599	0.0702	0.8528 1.1726
10	Endokrines_Gewebe 0.0783	0.0426	1.8380 0.5441
	Gastrointestinal 0.0249	0.0786	0.3167 3.1574
	Gehirn 0.0429	0.1284	0.3341 2.9935
	Haematopoetisch 0.0227	0.1136	0.2000 5.0008
	Haut 0.0844	0.1695	0.4982 2.0073
15	Hepatisch 0.0523	0.0712	0.7353 1.3600
	Herz 0.0922	0.1649	0.5590 1.7890
	Hoden 0.0460	0.0585	0.7872 1.2704
	Lunge 0.0447	0.0797	0.5601 1.7853
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0537	0.0000 undef
20	Muskel-Skelett 0.1490	0.1380	1.0801 0.9258
	Niere 0.0489	0.0479	1.0196 0.9808
	Pankreas 0.0149	0.1049	0.1417 7.0571
	Penis 0.0509	0.1333	0.3819 2.6187
	Prostata 0.0196	0.0319	0.6142 1.6282
25	Uterus_Endometrium 0.0676	0.1583	0.4268 2.3432
	Uterus_Myometrium 0.0381	0.3260	0.1169 8.5541
	Uterus_allgemein 0.0560	0.0000	undef 0.0000
	Brust-Hyperplasie 0.0863		
	Prostata-Hyperplasie 0.0297		
	Samenblase 0.0089		
	Sinnesorgane 0.0353		
30	Weisse_Blutkoerperchen 0.0078		
	Zervix 0.0213		

	FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.1670
	Gastrointestinal 0.1444
	Gehirn 0.0125
40	Haematopoetisch 0.0629
	Haut 0.0000
	Hepatisch 0.0000
	Herz-Blutgefaesse 0.0889
	Lunge 0.0759
45	Nebenniere 0.2535
	Niere 0.1112
	Placenta 0.1091
	Prostata 0.1247
	Sinnesorgane 0.1004

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
55	Brust 0.0476
	Eierstock_n 0.1595
	Eierstock_t 0.0203
	Endokrines_Gewebe 0.0000
	Foetal 0.0379
60	Gastrointestinal 0.0122
	Haematopoetisch 0.0000
	Haut-Muskel 0.0486
	Hoden 0.0077
	Lunge 0.0164
	Nerven 0.0251
65	Prostata 0.0068
	Sinnesorgane 0.0155
	Uterus_n 0.0167

Elektronischer Notfallbericht für SEQ. ID. NO: 7

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blase 0.0117	0.0051	2.2882 0.4370
	Brust 0.0128	0.0075	1.7013 0.5878
	Duenndarm 0.0153	0.0331	0.4634 2.1579
	Eierstock 0.0150	0.0104	1.4391 0.6949
10	Endokrines_Gewebe 0.0085	0.0050	1.6981 0.5889
	Gastrointestinal 0.0096	0.0278	0.3451 2.8974
	Gehirn 0.0059	0.0113	0.5236 1.9098
	Haematopoetisch 0.0254	0.0000	undef 0.0000
	Haut 0.0257	0.0000	undef 0.0000
15	Hepatisch 0.0143	0.0194	0.7353 1.3600
	Herz 0.0106	0.0000	undef 0.0000
	Hoden 0.0058	0.0234	0.2460 4.0652
	Lunge 0.0104	0.0245	0.4234 2.3620
20	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef undef
	Muskel-Skelett 0.0051	0.0360	0.1428 7.0040
	Niere 0.0244	0.0068	3.5687 0.2802
	Pankreas 0.0083	0.0000	undef 0.0000
	Penis 0.0180	0.0000	undef 0.0000
	Prostata 0.0218	0.0064	3.4121 0.2931
25	Uterus_Endometrium 0.0135	0.0000	undef 0.0000
	Uterus_Myometrium 0.0000	0.0408	0.0000 undef
	Uterus_allgemein 0.0000	0.0000	undef undef
	Brust-Hyperplasie 0.0192		
	Prostata-Hyperplasie 0.0030		
	Samenblase 0.0089		
	Sinnesorgane 0.0235		
30	Weisse_Blutkoerperchen 0.0208		
	Zervix 0.0213		

	FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0278
	Gastrointenstinal 0.0083
	Gehirn 0.0125
40	Haematopoetisch 0.0000
	Haut 0.0000
	Hepatisch 0.0000
	Herz-Blutgefaesse 0.0071
	Lunge 0.0036
45	Nebenniere 0.0000
	Niere 0.0309
	Placenta 0.0061
	Prostata 0.0249
	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
55	Brust 0.0000
	Eierstock_n 0.0000
	Eierstock_t 0.0101
	Endokrines_Gewebe 0.0245
	Foetal 0.0093
60	Gastrointestinal 0.0122
	Haematopoetisch 0.0342
	Haut-Muskel 0.0097
	Hoden 0.0154
	Lunge 0.0082
	Nerven 0.0080
65	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000
	Uterus_n 0.0042

Elektronischer Nern für SEQ. ID. NO: 8

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blase 0.0312	0.0460	0.6780 1.4750
	Brust 0.0192	0.0282	0.6805 1.4694
	Duenndarm 0.0368	0.0000	undef 0.0000
	Eierstock 0.0210	0.0364	0.5756 1.7372
10	Endokrines_Gewebe 0.0290	0.0326	0.8882 1.1258
	Gastrointestinal 0.0460	0.0231	1.9880 0.5030
	Gehirn 0.0532	0.0585	0.9094 1.0996
	Haematopoetisch 0.0361	0.0379	0.9528 1.0496
	Haut 0.0367	0.0000	undef 0.0000
15	Hepatisch 0.0048	0.0647	0.0735 13.5999
	Herz 0.0699	0.0412	1.6961 0.5896
	Hoden 0.0288	0.4210	0.0683 14.6349
	Lunge 0.0343	0.0368	0.9314 1.0737
20	Magen-Speiseroehre 0.0773	0.0230	3.3614 0.2975
	Muskel-Skelett 0.0497	0.0660	0.7528 1.3283
	Niere 0.0353	0.1575	0.2241 4.4619
	Pankreas 0.0165	0.0939	0.1760 5.6828
	Penis 0.0299	0.0267	1.1232 0.8903
	Prostata 0.0196	0.0298	0.6580 1.5197
25	Uterus_Endometrium 0.0270	0.1583	0.1707 5.8579
	Uterus_Myometrium 0.0229	0.0679	0.3367 2.9702
	Uterus_allgemein 0.0051	0.0954	0.0534 18.7357
	Brust-Hyperplasie 0.0192		
	Prostata-Hyperplasie 0.0505		
	Samenblase 0.0890		
30	Sinnesorgane 0.0353		
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0399		
	Zervix 0.0319		

	FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0417
	Gastrointenstinal 0.0333
	Gehirn 0.0313
40	Haematopoetisch 0.0197
	Haut 0.0000
	Hepatisch 0.0000
	Herz-Blutgefaesse 0.0783
	Lunge 0.0217
45	Nebenniere 0.0507
	Niere 0.0309
	Placenta 0.0727
	Prostata 0.0997
	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit	
55	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0152
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0082
60	Gastrointestinal	0.0244
	Haematopoetisch	0.0057
	Haut-Muskel	0.0032
	Hoden	0.0077
	Lunge	0.0082
	Nerven	0.0141
65	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0310
	Uterus_n	0.0125

Elektronischer Notfallbericht für SEQ. ID. NO: 9

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blase 0.0468	0.0204	2.2882 0.4370
	Brust 0.0205	0.0451	0.4537 2.2042
	Duenndarm 0.0307	0.0331	0.9268 1.0789
	Eierstock 0.0539	0.0468	1.1513 0.8686
10	Endokrines_Gewebe 0.0562	0.0527	1.0674 0.9369
	Gastrointestinal 0.0249	0.0324	0.7692 1.3001
	Gehirn 0.0333	0.0318	1.0451 0.9568
	Haematopoetisch 0.0388	0.0379	1.0234 0.9772
	Haut 0.0257	0.1695	0.1516 6.5954
15	Hepatisch 0.0095	0.0259	0.3676 2.7200
	Herz 0.0540	0.0000	undef 0.0000
	Hoden 0.0173	0.0702	0.2460 4.0652
	Lunge 0.0291	0.0491	0.5927 1.6872
20	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0230	0.0000 undef
	Muskel-Skelett 0.0206	0.1140	0.1803 5.5448
	Niere 0.0733	0.0274	2.6765 0.3736
	Pankreas 0.0264	0.0331	0.7977 1.2536
	Penis 0.0269	0.0533	0.5054 1.9786
	Prostata 0.0501	0.0341	1.4715 0.6796
25	Uterus_Endometrium 0.0541	0.2639	0.2049 4.8816
	Uterus_Myometrium 0.0152	0.0611	0.2494 4.0097
	Uterus_allgemein 0.0204	0.0000	undef 0.0000
	Brust-Hyperplasie 0.0512		
	Prostata-Hyperplasie 0.0386		
	Samenblase 0.0623		
	Sinnesorgane 0.0470		
30	Weisse_Blutkoerperchen 0.0286		
	Zervix 0.0426		

	FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0557
	Gastrointenstinal 0.0666
40	Gehirn 0.0626
	Haematopoetisch 0.0786
	Haut 0.0000
	Hepatisch 0.0260
45	Herz-Blutgefaesse 0.0818
	Lunge 0.0867
	Nebenniere 0.0761
	Niere 0.0432
	Placenta 0.0606
	Prostata 0.0249
	Sinnesorgane 0.0628

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
55	Brust 0.0068	
	Eierstock_n 0.1595	
	Eierstock_t 0.0051	
	Endokrines_Gewebe 0.0245	
	Foetal 0.0256	
60	Gastrointestinal 0.0732	
	Haematopoetisch 0.0057	
	Haut-Muskel 0.0551	
	Hoden 0.0309	
	Lunge 0.0737	
65	Nerven 0.0231	
	Prostata 0.0137	
	Sinnesorgane 0.0310	
	Uterus_n 0.0333	

Elektronischer Nern für SEQ. ID. NO: 10

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blase 0.1131	0.1431	0.7900 1.2659
	Brust 0.1356	0.1692	0.8015 1.2476
	Duenndarm 0.1962	0.0165	11.8636 0.0843
	Eierstock 0.1827	0.2446	0.7471 1.3385
10	Endokrines_Gewebe 0.1090	0.1329	0.8202 1.2192
	Gastrointestinal 0.1878	0.2590	0.7248 1.3797
	Gehirn 0.1035	0.1325	0.7814 1.2798
	Haematopoetisch 0.2700	0.1894	1.4257 0.7014
	Haut 0.1358	0.0847	1.6028 0.6239
15	Hepatisch 0.0428	0.1812	0.2363 4.2311
	Herz 0.2586	0.0137	18.8118 0.0532
	Hoden 0.0633	0.1403	0.4510 2.2174
	Lunge 0.3231	0.2229	1.4495 0.6899
	Magen-Speiseroehre 0.1643	0.2147	0.7653 1.3066
20	Muskel-Skelett 0.1970	0.0960	2.0524 0.4872
	Niere 0.1222	0.2328	0.5248 1.9055
	Pankreas 0.0876	0.1767	0.4955 2.0183
	Penis 0.1407	0.1600	0.8798 1.1366
	Prostata 0.1003	0.0766	1.3080 0.7645
25	Uterus_Endometrium 0.1824	0.0528	3.4569 0.2893
	Uterus_Myometrium 0.1677	0.3804	0.4409 2.2681
	Uterus_allgemein 0.2292	0.0000	undef 0.0000
	Brust-Hyperplasie 0.0735		
	Prostata-Hyperplasie 0.0684		
	Samenblase 0.1335		
30	Sinnesorgane 0.0470		
	Weisse_Blutkoerperchen 0.2749		
	Zervix 0.0958		

	FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0139
	Gastrointenstinal 0.0639
	Gehirn 0.1063
40	Haematopoetisch 0.1258
	Haut 0.2513
	Hepatisch 0.0260
	Herz-Blutgefaesse 0.0712
	Lunge 0.1517
45	Nebenniere 0.0000
	Niere 0.0988
	Placenta 0.0909
	Prostata 0.1745
	Sinnesorgane 0.0377

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit	
55	Brust 0.0136	
	Eierstock_n 0.3190	
	Eierstock_t 0.0709	
	Endokrines_Gewebe 0.0000	
	Foetal 0.0326	
60	Gastrointestinal 0.1464	
	Haematopoetisch 0.0000	
	Haut-Muskel 0.1328	
	Hoden 0.0154	
	Lunge 0.2211	
	Nerven 0.0311	
65	Prostata 0.0410	
	Sinnesorgane 0.0000	
	Uterus_n 0.0333	

Elektronischer Nort für SEQ. ID. NO: 11

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blase	0.0156	0.0051	3.0509 0.3278
	Brust	0.0064	0.0113	0.5671 1.7633
	Duenndarm	0.0031	0.0000	undef 0.0000
	Eierstock	0.0240	0.0234	1.0233 0.9772
10	Endokrines_Gewebe	0.0068	0.0100	0.6792 1.4722
	Gastrointestinal	0.0096	0.0046	2.0708 0.4829
	Gehirn	0.0022	0.0257	0.0864 11.5747
	Haematopoetisch	0.0147	0.0000	undef 0.0000
	Haut	0.0110	0.0000	undef 0.0000
15	Hepatisch	0.0238	0.0065	3.6765 0.2720
	Herz	0.0276	0.0275	1.0023 0.9977
	Hoden	0.0000	0.0117	0.0000 undef
	Lunge	0.0083	0.0245	0.3387 2.9526
20	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0077	0.0000 undef
	Muskel-Skelett	0.0086	0.0060	1.4278 0.7004
	Niere	0.0081	0.0616	0.1322 7.5658
	Pankreas	0.0165	0.0000	undef 0.0000
	Penis	0.0120	0.0267	0.4493 2.2259
	Prostata	0.0065	0.0085	0.7677 1.3026
25	Uterus_Endometrium	0.0270	0.0000	undef 0.0000
	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0951	0.0802 12.4748
	Uterus_allgemein	0.0968	0.0000	undef 0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0096		
	Prostata-Hyperplasie	0.0089		
	Samenblase	0.0089		
	Sinnesorgane	0.0706		
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000		
	Zervix	0.0106		

35	FOETUS %Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0139
	Gastrointenstinal	0.0278
40	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0708
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
45	Herz-Blutgefaesse	0.0320
	Lunge	0.0036
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0124
	Placenta	0.2121
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit	
55	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0233
60	Gastrointestinal	0.0244
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0648
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0164
65	Nerven	0.0010
	Prostata	0.0068
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0083

Elektronischer No...ern für SEQ. ID. NO: 12

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blase 0.0351	0.3093	0.1135 8.8135
	Brust 0.0269	0.0470	0.5716 1.7493
	Duenndarm 0.0092	0.0662	0.1390 7.1929
	Eierstock 0.0569	0.0182	3.1248 0.3200
10	Endokrines_Gewebe 0.0528	0.0502	1.0528 0.9498
	Gastrointestinal 0.0019	0.0093	0.2071 4.8289
	Gehirn 0.0022	0.0873	0.0254 39.3541
	Haematopoetisch 0.0147	0.0000	undef 0.0000
	Haut 0.0220	0.5085	0.0433 23.0839
	Hepatisch 0.0285	0.0582	0.4902 2.0400
15	Herz 0.0191	0.0000	undef 0.0000
	Hoden 0.0115	0.0000	undef 0.0000
	Lunge 0.0114	0.0061	1.8628 0.5368
	Magen-Speiseroehre 0.0193	0.0077	2.5211 0.3967
20	Muskel-Skelett 0.0771	0.0540	1.4278 0.7004
	Niere 0.0489	0.0137	3.5687 0.2802
	Pankreas 0.0264	0.0442	0.5983 1.6714
	Penis 0.0090	0.1066	0.0842 11.8713
	Prostata 0.0000	0.0064	0.0000 undef
25	Uterus_Endometrium 0.0743	0.0000	undef 0.0000
	Uterus_Myometrium 0.0381	0.1494	0.2551 3.9206
	Uterus_allgemein 0.0153	0.0954	0.1601 6.2452
	Brust-Hyperplasie 0.0096		
	Prostata-Hyperplasie 0.0059		
	Samenblase 0.0000		
30	Sinnesorgane 0.0118		
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000		
	Zervix 0.0000		

	FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0696
	Gastrointenstinal 0.4387
	Gehirn 0.0000
40	Haematopoetisch 0.2713
	Haut 0.0000
	Hepatisch 1.6121
	Herz-Blutgefaesse 0.0605
	Lunge 0.1770
45	Nebenniere 1.1663
	Niere 0.8092
	Placenta 0.7635
	Prostata 0.0499
	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
55	Brust 0.0612
	Eierstock_n 0.0000
	Eierstock_t 0.1114
	Endokrines_Gewebe 0.0000
	Foetal 0.4665
60	Gastrointestinal 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000
	Haut-Muskel 0.0000
	Hoden 0.0000
	Lunge 0.0000
	Nerven 0.0030
65	Prostata 0.0068
	Sinnesorgane 0.0000
	Uterus_n 0.0291

Elektronischer North für SEQ. ID. NO: 13

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blase 0.0078	0.0204	0.3814 2.6222
	Brust 0.0256	0.0432	0.5918 1.6899
	Duenndarm 0.0000	0.0000	undef undef
	Eierstock 0.0060	0.0078	0.7675 1.3029
10	Endokrines_Gewebe 0.0000	0.0050	0.0000 undef
	Gastrointestinal 0.0000	0.0000	undef undef
	Gehirn 0.0074	0.0216	0.3428 2.9168
	Haematopoetisch 0.0013	0.0000	undef 0.0000
	Haut 0.0073	0.0000	undef 0.0000
15	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef undef
	Herz 0.0021	0.0000	undef 0.0000
	Hoden 0.0115	0.0468	0.2460 4.0652
	Lunge 0.0031	0.0082	0.3810 2.6245
	Magen-Speiseroehre 0.0580	0.0000	undef 0.0000
20	Muskel-Skelett 0.0000	0.0300	0.0000 undef
	Niere 0.0027	0.0000	undef 0.0000
	Pankreas 0.0033	0.0276	0.1197 8.3571
	Penis 0.0210	0.1066	0.1966 5.0877
	Prostata 0.0022	0.0043	0.5118 1.9538
25	Uterus_Endometrium 0.0135	0.0000	undef 0.0000
	Uterus_Myometrium 0.0305	0.0883	0.3453 2.8959
	Uterus_allgemein 0.0102	0.0000	undef 0.0000
	Brust-Hyperplasie 0.0160		
	Prostata-Hyperplasie 0.0059		
	Samenblase 0.0356		
	Sinnesorgane 0.0000		
30	Weisse_Blutkoerperchen 0.0035		
	Zervix 0.0639		

	FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0000
	Gastrointenstinal 0.0028
	Gehirn 0.0000
40	Haematopoetisch 0.0000
	Haut 0.0000
	Hepatisch 0.0000
	Herz-Blutgefaesse 0.0000
	Lunge 0.0145
45	Nebenniere 0.0761
	Niere 0.0247
	Placenta 0.0061
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
55	Brust 0.0408	
	Eierstock_n 0.0000	
	Eierstock_t 0.1266	
	Endokrines_Gewebe 0.0000	
	Foetal 0.0047	
60	Gastrointestinal 0.0000	
	Haematopoetisch 0.0057	
	Haut-Muskel 0.0032	
	Hoden 0.0000	
	Lunge 0.0000	
	Nerven 0.0030	
65	Prostata 0.0000	
	Sinnesorgane 0.0000	
	Uterus_n 0.0208	

Elektronischer No. für SEQ. ID. NO: 14

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blase 0.0195	0.0051	3.8136 0.2622
	Brust 0.0051	0.0132	0.3889 2.5715
	Duenndarm 0.0061	0.0000	undef 0.0000
	Eierstock 0.0150	0.0130	1.1513 0.8686
10	Endokrines_Gewebe 0.0153	0.0150	1.0189 0.9815
	Gastrointestinal 0.0115	0.0000	undef 0.0000
	Gehirn 0.0133	0.0133	0.9969 1.0031
	Haematopoetisch 0.0174	0.0000	undef 0.0000
	Haut 0.0147	0.0000	undef 0.0000
15	Hepatisch 0.0000	0.0194	0.0000 undef
	Herz 0.0265	0.0000	undef 0.0000
	Hoden 0.0058	0.0000	undef 0.0000
	Lunge 0.0042	0.0164	0.2540 3.9367
20	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0077	0.0000 undef
	Muskel-Skelett 0.0069	0.0540	0.1269 7.8795
	Niere 0.0217	0.0274	0.7930 1.2610
	Pankreas 0.0165	0.0055	2.9915 0.3343
	Penis 0.0090	0.0000	undef 0.0000
	Prostata 0.0087	0.0170	0.5118 1.9538
25	Uterus_Endometrium 0.0338	0.2111	0.1600 6.2484
	Uterus_Myometrium 0.0076	0.0475	0.1603 6.2374
	Uterus_allgemein 0.0000	0.0000	undef undef
	Brust-Hyperplasie 0.0320		
	Prostata-Hyperplasie 0.0238		
	Samenblase 0.0267		
30	Sinnesorgane 0.0000		
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0069		
	Zervix 0.0213		

	FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0417
	Gastrointenstinal 0.0139
	Gehirn 0.0125
40	Haematopoetisch 0.0157
	Haut 0.0000
	Hepatisch 0.0000
	Herz-Blutgefaesse 0.0427
	Lunge 0.0253
45	Nebenniere 0.0000
	Niere 0.0124
	Placenta 0.0121
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0126

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
55	Brust 0.0068
	Eierstock_n 0.0000
	Eierstock_t 0.0051
	Endokrines_Gewebe 0.0245
	Foetal 0.0035
60	Gastrointestinal 0.0244
	Haematopoetisch 0.0000
	Haut-Muskel 0.0065
	Hoden 0.0000
	Lunge 0.0082
	Nerven 0.0050
65	Prostata 0.0137
	Sinnesorgane 0.0155
	Uterus_n 0.0042

Elektronischer Nort für SEQ. ID. NO: 15

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blase 0.0078	0.0102	0.7627 1.3111
	Brust 0.0026	0.0150	0.1701 5.8778
	Duenndarm 0.0184	0.0496	0.3707 2.6973
	Eierstock 0.0000	0.0052	0.0000 undef
10	Endokrines_Gewebe 0.0000	0.0025	0.0000 undef
	Gastrointestinal 0.0000	0.0093	0.0000 undef
	Gehirn 0.0007	0.0072	0.1029 9.7228
	Haematopoetisch 0.0000	0.0000	undef undef
	Haut 0.0037	0.0000	undef 0.0000
15	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef undef
	Herz 0.0032	0.0000	undef 0.0000
	Hoden 0.0058	0.0000	undef 0.0000
	Lunge 0.0021	0.0041	0.5080 1.9684
20	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0307	0.0000 undef
	Muskel-Skelett 0.0086	0.0240	0.3569 2.8016
	Niere 0.0027	0.0000	undef 0.0000
	Pankreas 0.0000	0.0055	0.0000 undef
	Penis 0.0240	0.0000	undef 0.0000
	Prostata 0.0065	0.0021	3.0709 0.3256
25	Uterus_Endometrium 0.0000	0.0000	undef undef
	Uterus_Myometrium 0.0000	0.0340	0.0000 undef
	Uterus_allgemein 0.0000	0.0000	undef undef
	Brust-Hyperplasie 0.0096		
	Prostata-Hyperplasie 0.0000		
	Samenblase 0.0000		
30	Sinnesorgane 0.0118		
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000		
	Zervix 0.0000		

	FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0139
	Gastrointenstinal 0.0000
	Gehirn 0.0000
40	Haematopoetisch 0.0039
	Haut 0.0000
	Hepatisch 0.0000
	Herz-Blutgefaesse 0.0036
	Lunge 0.0036
45	Nebenniere 0.0000
	Niere 0.0000
	Placenta 0.0000
	Prostata 0.0249
	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
55	Brust 0.0000	
	Eierstock_n 0.0000	
	Eierstock_t 0.0000	
	Endokrines_Gewebe 0.0000	
	Foetal 0.0000	
60	Gastrointestinal 0.0000	
	Haematopoetisch 0.0000	
	Haut-Muskel 0.0000	
	Hoden 0.0000	
	Lunge 0.0000	
	Nerven 0.0020	
65	Prostata 0.0000	
	Sinnesorgane 0.0000	
	Uterus_n 0.0125	

Elektronischer Notizkern für SEQ. ID. NO: 16

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blase 0.0039	0.0153	0.2542 3.9333
	Brust 0.0077	0.0038	2.0416 0.4898
	Duenndarm 0.0123	0.0000	undef 0.0000
	Eierstock 0.0060	0.0026	2.3025 0.4343
10	Endokrines_Gewebe 0.0119	0.0251	0.4755 2.1032
	Gastrointestinal 0.0096	0.0139	0.6903 1.4487
	Gehirn 0.0163	0.0246	0.6600 1.5152
	Haematopoetisch 0.0040	0.0000	undef 0.0000
	Haut 0.0110	0.0000	undef 0.0000
15	Hepatisch 0.0095	0.0065	1.4706 0.6800
	Herz 0.0180	0.0000	undef 0.0000
	Hoden 0.0000	0.0117	0.0000 undef
	Lunge 0.0135	0.0082	1.6511 0.6057
20	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0153	0.0000 undef
	Muskel-Skelett 0.0069	0.0060	1.1422 0.8755
	Niere 0.0000	0.0000	undef undef
	Pankreas 0.0033	0.0276	0.1197 8.3571
	Penis 0.0090	0.0267	0.3369 2.9678
	Prostata 0.0196	0.0128	1.5354 0.6513
25	Uterus_Endometrium 0.0068	0.0000	undef 0.0000
	Uterus_Myometrium 0.0000	0.0408	0.0000 undef
	Uterus_allgemein 0.0357	0.0000	undef 0.0000
	Brust-Hyperplasie 0.0128		
	Prostata-Hyperplasie 0.0089		
	Samenblase 0.0267		
30	Sinnesorgane 0.0000		
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000		
	Zervix 0.0000		

	FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0000
	Gastrointenstinal 0.0000
	Gehirn 0.0375
40	Haematopoetisch 0.0039
	Haut 0.0000
	Hepatisch 0.0000
	Herz-Blutgefaesse 0.0071
	Lunge 0.0036
45	Nebenniere 0.0507
	Niere 0.0124
	Placenta 0.0061
	Prostata 0.0249
	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit	
55	Brust 0.0000	
	Eierstock_n 0.0000	
	Eierstock_t 0.0000	
	Endokrines_Gewebe 0.0000	
	Foetal 0.0012	
60	Gastrointestinal 0.0122	
	Haematopoetisch 0.0000	
	Haut-Muskel 0.0097	
	Hoden 0.0000	
	Lunge 0.0082	
	Nerven 0.0050	
65	Prostata 0.0000	
	Sinnesorgane 0.0000	
	Uterus_n 0.0083	

Elektronischer Nort für SEQ. ID. NO: 17

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	N/T	Verhaeltnisse T/N
5	Blase 0.0195	0.0179	1.0896	0.9178
	Brust 0.0307	0.0338	0.9074	1.1021
	Duenndarm 0.0184	0.0165	1.1122	0.8991
	Eierstock 0.0509	0.0286	1.7792	0.5620
10	Endokrines_Gewebe 0.0375	0.0301	1.2453	0.8030
	Gastrointestinal 0.0153	0.0093	1.6567	0.6036
	Gehirn 0.0222	0.0452	0.4909	2.0372
	Haematopoetisch 0.0160	0.0000	undef	0.0000
	Haut 0.0661	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch 0.0143	0.0518	0.2757	3.6266
	Herz 0.0636	0.0000	undef	0.0000
	Hoden 0.0173	0.0117	1.4759	0.6775
	Lunge 0.0177	0.0532	0.3322	3.0104
	Magen-Speiseroehre 0.0483	0.0000	undef	0.0000
20	Muskel-Skelett 0.0137	0.0960	0.1428	7.0040
	Niere 0.0217	0.0685	0.3172	3.1524
	Pankreas 0.0264	0.0055	4.7864	0.2089
	Penis 0.0449	0.0000	undef	0.0000
	Prostata 0.0283	0.0341	0.8317	1.2024
25	Uterus_Endometrium 0.0135	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium 0.0229	0.0679	0.3367	2.9702
	Uterus_allgemein 0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie 0.0671			
	Prostata-Hyperplasie 0.0476			
	Samenblase 0.0356			
30	Sinnesorgane 0.0353			
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0121			
	Zervix 0.0532			

	FOETUS %Haeufigkeit
	Entwicklung 0.0557
	Gastrointenstinal 0.0278
	Gehirn 0.0688
40	Haematopoetisch 0.0275
	Haut 0.0000
	Hepatisch 0.0000
	Herz-Blutgefaesse 0.0534
	Lunge 0.0831
45	Nebenniere 0.1014
	Niere 0.0741
	Placenta 0.0182
	Prostata 0.1247
	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
55	Brust 0.0000
	Eierstock_n 0.0000
	Eierstock_t 0.0203
	Endokrines_Gewebe 0.0490
	Foetal 0.0169
60	Gastrointestinal 0.0122
	Haematopoetisch 0.0000
	Haut-Muskel 0.0259
	Hoden 0.0000
	Lunge 0.0082
	Nerven 0.0050
65	Prostata 0.0068
	Sinnesorgane 0.0000
	Uterus_n 0.0167

Elektronischer Notizern für SEQ. ID. NO: 18

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blase 0.0195	0.0179	1.0896 0.9178
	Brust 0.0371	0.0357	1.0387 0.9627
	Duenndarm 0.0245	0.0331	0.7415 1.3487
	Eierstock 0.0479	0.0390	1.2280 0.8143
10	Endokrines_Gewebe 0.0358	0.0326	1.0972 0.9114
	Gastrointestinal 0.0153	0.0093	1.6567 0.6036
	Gehirn 0.0229	0.0524	0.4376 2.2851
	Haematopoetisch 0.0147	0.0000	undef 0.0000
	Haut 0.0587	0.0000	undef 0.0000
15	Hepatisch 0.0143	0.0518	0.2757 3.6266
	Herz 0.0593	0.0000	undef 0.0000
	Hoden 0.0115	0.0117	0.9839 1.0163
	Lunge 0.0145	0.0491	0.2964 3.3743
20	Magen-Speiseroehre 0.0290	0.0000	undef 0.0000
	Muskel-Skelett 0.0120	0.1140	0.1052 9.5055
	Niere 0.0299	0.0616	0.4846 2.0634
	Pankreas 0.0281	0.0055	5.0855 0.1966
	Penis 0.0449	0.0000	undef 0.0000
	Prostata 0.0349	0.0319	1.0919 0.9159
25	Uterus_Endometrium 0.0203	0.0000	undef 0.0000
	Uterus_Myometrium 0.0152	0.0679	0.2245 4.4553
	Uterus_allgemein 0.0051	0.0000	undef 0.0000
	Brust-Hyperplasie 0.0576		
	Prostata-Hyperplasie 0.0446		
	Samenblase 0.0356		
30	Sinnesorgane 0.0235		
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0130		
	Zervix 0.0532		

	FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0417
	Gastrointestinal 0.0333
	Gehirn 0.0688
40	Haematopoetisch 0.0275
	Haut 0.0000
	Hepatisch 0.0000
	Herz-Blutgefaesse 0.0427
	Lunge 0.0867
45	Nebenniere 0.1268
	Niere 0.0741
	Placenta 0.0182
	Prostata 0.1247
	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
55	Brust 0.0000
	Eierstock_n 0.0000
	Eierstock_t 0.0253
	Endokrines_Gewebe 0.0245
	Foetal 0.0326
60	Gastrointestinal 0.0122
	Haematopoetisch 0.0000
	Haut-Muskel 0.0518
	Hoden 0.0000
	Lunge 0.0082
	Nerven 0.0090
65	Prostata 0.0137
	Sinnesorgane 0.0000
	Uterus_n 0.0208

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 19

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blase 0.0351	0.0332	1.0561 0.9469
	Brust 0.0269	0.0376	0.7146 1.3995
	Duenndarm 0.0337	0.0992	0.3398 2.9425
	Eierstock 0.0240	0.0312	0.7675 1.3029
10	Endokrines_Gewebe 0.0409	0.0075	5.4340 0.1840
	Gastrointestinal 0.0268	0.0971	0.2761 3.6217
	Gehirn 0.0059	0.0113	0.5236 1.9098
	Haematopoetisch 0.0013	0.2273	0.0059 170.0273
	Haut 0.0330	0.0000	undef 0.0000
15	Hepatisch 0.0095	0.0388	0.2451 4.0800
	Herz 0.0223	0.0000	undef 0.0000
	Hoden 0.0173	0.0351	0.4920 2.0326
	Lunge 0.0395	0.0900	0.4388 2.2792
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0077	0.0000 undef
20	Muskel-Skelett 0.0857	0.1920	0.4462 2.2413
	Niere 0.0136	0.0205	0.6609 1.5132
	Pankreas 0.0198	0.0221	0.8974 1.1143
	Penis 0.0629	0.0800	0.7862 1.2719
	Prostata 0.0087	0.0106	0.8189 1.2211
25	Uterus_Endometrium 0.0676	0.0000	undef 0.0000
	Uterus_Myometrium 0.0686	0.1630	0.4208 2.3761
	Uterus_allgemein 0.0153	0.0000	undef 0.0000
	Brust-Hyperplasie 0.0735		
	Prostata-Hyperplasie 0.0416		
30	Samenblase 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0235		
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000		
	Zervix 0.0426		

	FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.1113
	Gastrointestinal 0.0056
	Gehirn 0.0000
40	Haematopoetisch 0.0039
	Haut 0.0000
	Hepatisch 0.0000
	Herz-Blutgefaesse 0.0356
	Lunge 0.0289
45	Nebenniere 0.0000
	Niere 0.0062
	Placenta 0.1333
	Prostata 0.0249
	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
55	Brust 0.0204
	Eierstock_n 0.0000
	Eierstock_t 0.0000
	Endokrines_Gewebe 0.0000
	Foetal 0.0111
60	Gastrointestinal 0.0244
	Haematopoetisch 0.0000
	Haut-Muskel 0.0065
	Hoden 0.0000
	Lunge 0.0000
	Nerven 0.0000
65	Prostata 0.0068
	Sinnesorgane 0.0077
	Uterus_n 0.0125

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 20

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Wert Vergleichnisse N T/N
5	Blase 0.0858	0.1048	0.8185 1.2217
	Brust 0.1036	0.1729	0.5992 1.6690
	Duenndarm 0.1226	0.1158	1.0593 0.9441
	Eierstock 0.0958	0.1197	0.8009 1.2486
	Endokrines_Gewebe 0.0954	0.1128	0.8453 1.1830
10	Gastrointestinal 0.0900	0.1573	0.5725 1.7466
	Gehirn 0.0658	0.0924	0.7120 1.4046
	Haematopoetisch 0.1109	0.0758	1.4645 0.6828
	Haut 0.0918	0.0000	undef 0.0000
	Hepatisch 0.0333	0.0906	0.3676 2.7200
	Herz 0.2120	0.0412	5.1398 0.1946
15	Hoden 0.0690	0.3625	0.1904 5.2509
	Lunge 0.0696	0.1186	0.5869 1.7040
	Magen-Speiseroehre 0.0483	0.0460	1.0504 0.9520
	Muskel-Skelett 0.0702	0.2820	0.2491 4.0145
	Niere 0.0652	0.1027	0.6344 1.5762
20	Pankreas 0.1140	0.1270	0.8974 1.1143
	Penis 0.1018	0.0000	undef 0.0000
	Prostata 0.1090	0.1277	0.8530 1.1723
	Uterus_Endometrium 0.1149	0.0000	undef 0.0000
	Uterus_Myometrium 0.0686	0.2106	0.3258 3.0692
	Uterus_allgemein 0.0458	0.1908	0.2402 4.1635
25	Brust-Hyperplasie 0.1279		
	Prostata-Hyperplasie 0.1159		
	Samenblase 0.1157		
	Sinnesorgane 0.1059		
30	Weisse_Blutkoerperchen 0.0832		
	Zervix 0.1278		

	FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0557
	Gastrointenstinal 0.2471
	Gehirn 0.2189
	Haematopoetisch 0.1612
	Haut 0.0000
40	Hepatisch 0.1560
	Herz-Blutgefaesse 0.2633
	Lunge 0.1012
	Nebenniere 0.1014
	Niere 0.1112
45	Placenta 0.0848
	Prostata 0.3740
	Sinnesorgane 0.0126

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
	Brust 0.0136
55	Eierstock_n 0.1595
	Eierstock_t 0.0658
	Endokrines_Gewebe 0.0000
	Foetal 0.0216
	Gastrointestinal 0.0732
	Haematopoetisch 0.0057
60	Haut-Muskel 0.0259
	Hoden 0.0000
	Lunge 0.1638
	Nerven 0.0211
	Prostata 0.0205
	Sinnesorgane 0.0000
65	Uterus_n 0.0333

Elektronischer Nor n für SEQ. ID. NO: 21

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blase 0.0273	0.0102	2.6695 0.3746
	Brust 0.0051	0.0019	2.7221 0.3674
	Duenndarm 0.0276	0.0000	undef 0.0000
	Eierstock 0.0180	0.0000	undef 0.0000
10	Endokrines_Gewebe 0.0136	0.0000	undef 0.0000
	Gastrointestinal 0.0134	0.0046	2.8992 0.3449
	Gehirn 0.0015	0.0164	0.0900 11.1117
	Haematopoetisch 0.0053	0.0000	undef 0.0000
	Haut 0.0147	0.0000	undef 0.0000
	Hepatisch 0.0048	0.0000	undef 0.0000
15	Herz 0.0106	0.0412	0.2570 3.8912
	Hoden 0.0000	0.0117	0.0000 undef
	Lunge 0.0052	0.0102	0.5080 1.9684
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef undef
20	Muskel-Skelett 0.0223	0.0060	3.7122 0.2694
	Niere 0.0081	0.0000	undef 0.0000
	Pankreas 0.0033	0.0276	0.1197 8.3571
	Penis 0.0030	0.0267	0.1123 8.9035
	Prostata 0.0022	0.0043	0.5118 1.9538
25	Uterus_Endometrium 0.0135	0.0000	undef 0.0000
	Uterus_Myometrium 0.0381	0.1019	0.3741 2.6732
	Uterus_allgemein 0.0102	0.0000	undef 0.0000
	Brust-Hyperplasie 0.0032		
	Prostata-Hyperplasie 0.0000		
30	Samenblase 0.0089		
	Sinnesorgane 0.0000		
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0130		
	Zervix 0.0106		

	FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0000
	Gastrointenstinal 0.0111
	Gehirn 0.0000
40	Haematopoetisch 0.0157
	Haut 0.0000
	Hepatisch 0.0000
	Herz-Blutgefaesse 0.0107
	Lunge 0.0000
45	Nebenniere 0.0000
	Niere 0.0247
	Placenta 0.0000
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit	
55	Brust 0.0204	
	Eierstock_n 0.0000	
	Eierstock_t 0.0101	
	Endokrines_Gewebe 0.0490	
	Foetal 0.0093	
60	Gastrointestinal 0.0122	
	Haematopoetisch 0.0057	
	Haut-Muskel 0.0421	
	Hoden 0.0154	
	Lunge 0.0000	
	Nerven 0.0010	
65	Prostata 0.0274	
	Sinnesorgane 0.0000	
	Uterus_n 0.0000	

Elektronischer No rn für SEQ. ID. NO: 22

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blase 0.0000	0.0102	0.0000 undef
	Brust 0.0064	0.0207	0.3093 3.2328
	Duenndarm 0.0153	0.0662	0.2317 4.3157
	Eierstock 0.0180	0.0156	1.1513 0.8686
10	Endokrines_Gewebe 0.0204	0.0351	0.5822 1.7176
	Gastrointestinal 0.0153	0.0231	0.6627 1.5090
	Gehirn 0.0510	0.0257	1.9871 0.5032
	Haematopoetisch 0.0134	0.0000	undef 0.0000
	Haut 0.0367	0.0000	undef 0.0000
15	Hepatisch 0.0095	0.0000	undef 0.0000
	Herz 0.0466	0.0000	undef 0.0000
	Hoden 0.0000	0.0117	0.0000 undef
	Lunge 0.0249	0.0348	0.7172 1.3943
20	Magen-Speiseroehre 0.0193	0.0077	2.5211 0.3967
	Muskel-Skelett 0.0377	0.0300	1.2564 0.7959
	Niere 0.0244	0.0274	0.8922 1.1209
	Pankreas 0.0083	0.0166	0.4986 2.0057
	Penis 0.0329	0.0267	1.2355 0.8094
	Prostata 0.0131	0.0149	0.8774 1.1397
25	Uterus_Endometrium 0.0338	0.0000	undef 0.0000
	Uterus_Myometrium 0.0000	0.0340	0.0000 undef
	Uterus_allgemein 0.0153	0.0000	undef 0.0000
	Brust-Hyperplasie 0.0256		
	Prostata-Hyperplasie 0.0238		
	Samenblase 0.0000		
30	Sinnesorgane 0.0000		
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0069		
	Zervix 0.0213		

	FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0139
	Gastrointenstinal 0.0194
	Gehirn 0.0125
40	Haematopoetisch 0.0039
	Haut 0.0000
	Hepatisch 0.0000
	Herz-Blutgefaesse 0.0320
	Lunge 0.0434
45	Nebenniere 0.0000
	Niere 0.0124
	Placenta 0.0061
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0251

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
55	Brust 0.0000
	Eierstock_n 0.3190
	Eierstock_t 0.0000
	Endokrines_Gewebe 0.0000
	Foetal 0.0373
60	Gastrointestinal 0.0000
	Haematopoetisch 0.0114
	Haut-Muskel 0.0680
	Hoden 0.0231
	Lunge 0.0000
	Nerven 0.0211
65	Prostata 0.0205
	Sinnesorgane 0.0077
	Uterus_n 0.0458

Elektronischer Nort für SEQ. ID. NO: 23

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blase 0.0741	0.0639	1.1593 0.8626
	Brust 0.0691	0.0827	0.8352 1.1973
	Duenndarm 0.0245	0.0496	0.4943 2.0230
	Eierstock 0.0689	0.0494	1.3936 0.7176
10	Endokrines_Gewebe 0.2487	0.5191	0.4791 2.0873
	Gastrointestinal 0.0421	0.0879	0.4796 2.0852
	Gehirn 0.1700	0.1037	1.6395 0.6099
	Haematopoetisch 0.0695	0.0758	0.9175 1.0899
	Haut 0.0367	0.4237	0.0866 11.5419
15	Hepatisch 0.0143	0.0388	0.3676 2.7200
	Herz 0.0668	0.1375	0.4857 2.0588
	Hoden 0.0460	0.0468	0.9839 1.0163
	Lunge 0.0592	0.0470	1.2590 0.7943
20	Magen-Speiseroehre 0.1160	0.0690	1.6807 0.5950
	Muskel-Skelett 0.0754	0.0960	0.7853 1.2735
	Niere 0.0706	0.0479	1.4728 0.6790
	Pankreas 0.0677	0.0552	1.2265 0.8153
	Penis 0.0988	0.0267	3.7064 0.2698
	Prostata 0.0697	0.0660	1.0566 0.9464
25	Uterus_Endometrium 0.0608	0.0000	undef 0.0000
	Uterus_Myometrium 0.0152	0.0611	0.2494 4.0097
	Uterus_allgemein 0.1120	0.0000	undef 0.0000
	Brust-Hyperplasie 0.0480		
30	Prostata-Hyperplasie 0.0565		
	Samenblase 0.0445		
	Sinnesorgane 0.0823		
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0824		
	Zervix 0.0852		

	FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.1113
	Gastrointestinal 0.0805
	Gehirn 0.1376
40	Haematopoetisch 0.1140
	Haut 0.0000
	Hepatisch 0.0520
	Herz-Blutgefaesse 0.0996
	Lunge 0.1951
45	Nebenniere 0.1268
	Niere 0.1359
	Placenta 0.1030
	Prostata 0.0748
	Sinnesorgane 0.0879

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
55	Brust 0.0544
	Eierstock_n 0.0000
	Eierstock_t 0.0203
	Endokrines_Gewebe 0.0245
	Foetal 0.0309
60	Gastrointestinal 0.0610
	Haematopoetisch 0.0000
	Haut-Muskel 0.0356
	Hoden 0.0077
	Lunge 0.0655
	Nerven 0.0783
65	Prostata 0.0547
	Sinnesorgane 0.0000
	Uterus_n 0.0083

Elektronischer Nachnamen für SEQ. ID. NO: 24

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blase 0.0546	0.0332	1.6428 0.6087
	Brust 0.0269	0.0320	0.8407 1.1896
	Duenndarm 0.0276	0.0000	undef 0.0000
	Eierstock 0.0479	0.0546	0.8771 1.1401
10	Endokrines_Gewebe 0.0324	0.0176	1.8437 0.5424
	Gastrointestinal 0.0211	0.0463	0.4556 2.1950
	Gehirn 0.0229	0.0277	0.8266 1.2097
	Haematopoetisch 0.0348	0.0379	0.9175 1.0899
	Haut 0.0184	0.0000	undef 0.0000
15	Hepatisch 0.0190	0.0000	undef 0.0000
	Herz 0.0477	0.0000	undef 0.0000
	Hoden 0.0230	0.1169	0.1968 5.0816
	Lunge 0.0156	0.0307	0.5080 1.9684
20	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0460	0.0000 undef
	Muskel-Skelett 0.0120	0.0480	0.2499 4.0023
	Niere 0.0163	0.0068	2.3791 0.4203
	Pankreas 0.0182	0.0331	0.5484 1.8234
	Penis 0.0180	0.0800	0.2246 4.4517
	Prostata 0.0174	0.0170	1.0236 0.9769
25	Uterus_Endometrium 0.0541	0.0000	undef 0.0000
	Uterus_Myometrium 0.0229	0.0679	0.3367 2.9702
	Uterus_allgemein 0.0102	0.0000	undef 0.0000
	Brust-Hyperplasie 0.0576		
	Prostata-Hyperplasie 0.0208		
	Samenblase 0.0089		
30	Sinnesorgane 0.0118		
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0277		
	Zervix 0.0213		

	FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0278
	Gastrointenstinal 0.0639
	Gehirn 0.0438
40	Haematopoetisch 0.0275
	Haut 0.0000
	Hepatisch 0.0000
	Herz-Blutgefaesse 0.0925
	Lunge 0.0831
45	Nebenniere 0.0000
	Niere 0.0803
	Placenta 0.0667
	Prostata 0.0249
	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit	
55	Brust 0.0000	
	Eierstock_n 0.0000	
	Eierstock_t 0.0000	
	Endokrines_Gewebe 0.0000	
	Foetal 0.0006	
60	Gastrointestinal 0.0122	
	Haematopoetisch 0.0000	
	Haut-Muskel 0.0000	
	Hoden 0.0077	
	Lunge 0.0000	
	Nerven 0.0040	
65	Prostata 0.0000	
	Sinnesorgane 0.0000	
	Uterus_n 0.0000	

Elektronischer North für SEQ. ID. NO: 25

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	N/T	Verhaeltnisse T/N
5	Blase 0.0429	0.0486	0.8832	1.1323
	Brust 0.0435	0.0771	0.5643	1.7720
	Duenndarm 0.0307	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock 0.0389	0.0833	0.4677	2.1381
10	Endokrines_Gewebe 0.0460	0.0301	1.5283	0.6543
	Gastrointestinal 0.0287	0.0971	0.2958	3.3803
	Gehirn 0.0347	0.0534	0.6507	1.5367
	Haematopoetisch 0.0869	0.0000	undef	0.0000
	Haut 0.0551	0.0847	0.6498	1.5389
15	Hepatisch 0.0143	0.0194	0.7353	1.3600
	Herz 0.0466	0.0137	3.3923	0.2948
	Hoden 0.0173	0.0935	0.1845	5.4203
	Lunge 0.0457	0.0613	0.7451	1.3421
20	Magen-Speiseroehre 0.0290	0.0153	1.8908	0.5289
	Muskel-Skelett 0.0223	0.1140	0.1954	5.1183
	Niere 0.0407	0.0137	2.9739	0.3363
	Pankreas 0.0314	0.0442	0.7105	1.4075
	Penis 0.0779	0.0533	1.4601	0.6849
	Prostata 0.0458	0.0617	0.7412	1.3491
25	Uterus_Endometrium 0.0473	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium 0.0305	0.1087	0.2806	3.5642
	Uterus_allgemein 0.0357	0.0954	0.3736	2.6765
	Brust-Hyperplasie 0.0256			
	Prostata-Hyperplasie 0.0803			
	Samenblase 0.0801			
30	Sinnesorgane 0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0494			
	Zervix 0.0426			

	FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0417
	Gastrointenstinal 0.0611
	Gehirn 0.0626
40	Haematopoetisch 0.0708
	Haut 0.0000
	Hepatisch 0.0260
	Herz-Blutgefaesse 0.0534
	Lunge 0.0542
45	Nebenniere 0.0761
	Niere 0.0988
	Placenta 0.0303
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0251

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
55	Brust 0.0204
	Eierstock_n 0.1595
	Eierstock_t 0.0101
	Endokrines_Gewebe 0.0000
	Foetal 0.0332
60	Gastrointestinal 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000
	Haut-Muskel 0.0194
	Hoden 0.0077
	Lunge 0.0328
	Nerven 0.0161
65	Prostata 0.0068
	Sinnesorgane 0.0000
	Uterus_n 0.0291

Elektronischer Nachnamen für SEQ. ID. NO: 26

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blase 0.0000	0.0000	undef undef
	Brust 0.0000	0.0000	undef undef
	Duenndarm 0.0000	0.0000	undef undef
	Eierstock 0.0000	0.0000	undef undef
10	Endokrines_Gewebe 3.0675	0.0000	undef 0.0000
	Gastrointestinal 0.0000	0.0000	undef undef
	Gehirn 0.0015	0.0000	undef 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000	0.0000	undef undef
	Haut 0.0000	0.0000	undef undef
15	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef undef
	Herz 0.0000	0.0000	undef undef
	Hoden 0.0000	0.0000	undef undef
	Lunge 0.0000	0.0000	undef undef
20	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef undef
	Muskel-Skelett 0.0000	0.0000	undef undef
	Niere 0.0000	0.0000	undef undef
	Pankreas 0.0000	0.0000	undef undef
	Penis 0.0000	0.0000	undef undef
	Prostata 0.0000	0.0000	undef undef
25	Uterus_Endometrium 0.0000	0.0000	undef undef
	Uterus_Myometrium 0.0000	0.0340	0.0000 undef
	Uterus_allgemein 0.0000	0.0000	undef undef
	Brust-Hyperplasie 0.0000		
	Prostata-Hyperplasie 0.0000		
	Samenblase 0.0000		
30	Sinnesorgane 0.0000		
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000		
	Zervix 0.0000		

	FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0000
	Gastrointenstinal 0.0028
	Gehirn 0.0000
40	Haematopoetisch 0.0000
	Haut 0.0000
	Hepatisch 0.0000
	Herz-Blutgefaesse 0.0000
	Lunge 0.0000
45	Nebenniere 0.0000
	Niere 0.0000
	Placenta 0.0061
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
55	Brust 0.0000
	Eierstock_n 0.0000
	Eierstock_t 0.0000
	Endokrines_Gewebe 0.0000
	Foetal 0.0070
60	Gastrointestinal 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000
	Haut-Muskel 0.0000
	Hoden 0.0000
	Lunge 0.0000
	Nerven 0.0000
65	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0155
	Uterus_n 0.0250

Elektronischer Norton für SEQ. ID. NO: 27

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blase 0.0039	0.0230	0.1695 5.8999
	Brust 0.0179	0.0395	0.4537 2.2042
	Duenndarm 0.0061	0.0000	undef 0.0000
	Eierstock 0.0300	0.0130	2.3025 0.4343
10	Endokrines_Gewebe 0.0068	0.0251	0.2717 3.6805
	Gastrointestinal 0.0077	0.0093	0.8283 1.2072
	Gehirn 0.0015	0.0092	0.1600 6.2504
	Haematopoetisch 0.0053	0.0000	undef 0.0000
	Haut 0.0000	0.0000	undef undef
15	Hepatisch 0.0000	0.0194	0.0000 undef
	Herz 0.0032	0.0000	undef 0.0000
	Hoden 0.0000	0.0000	undef undef
	Lunge 0.0083	0.0368	0.2258 4.4288
20	Magen-Speiseroehre 0.0290	0.0230	1.2605 0.7933
	Muskel-Skelett 0.0000	0.0060	0.0000 undef
	Niere 0.0136	0.0068	1.9826 0.5044
	Pankreas 0.0000	0.0276	0.0000 undef
	Penis 0.0030	0.0000	undef 0.0000
	Prostata 0.0065	0.0128	0.5118 1.9538
25	Uterus_Endometrium 0.0473	0.0000	undef 0.0000
	Uterus_Myometrium 0.0000	0.0340	0.0000 undef
	Uterus_allgemein 0.0051	0.0000	undef 0.0000
	Brust-Hyperplasie 0.0000		
	Prostata-Hyperplasie 0.0030		
	Samenblase 0.0089		
	Sinnesorgane 0.0000		
30	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000		
	Zervix 0.0213		

	FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0139
	Gastrointenstinal 0.0278
	Gehirn 0.0125
40	Haematopoetisch 0.0079
	Haut 0.0000
	Hepatisch 0.0000
	Herz-Blutgefaesse 0.0320
	Lunge 0.0289
45	Nebenniere 0.0000
	Niere 0.0185
	Placenta 0.0000
	Prostata 0.0997
	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
55	Brust 0.0000
	Eierstock_n 0.0000
	Eierstock_t 0.0304
	Endokrines_Gewebe 0.0245
	Foetal 0.0029
60	Gastrointestinal 0.0122
	Haematopoetisch 0.0114
	Haut-Muskel 0.0097
	Hoden 0.0000
	Lunge 0.0164
	Nerven 0.0020
65	Prostata 0.0068
	Sinnesorgane 0.0000
	Uterus_n 0.0000

Elektronischer Nachnamen für SEQ. ID. NO: 28

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blase 0.0195	0.0383	0.5085 1.9666
	Brust 0.0256	0.0714	0.3582 2.7919
	Duenndarm 0.0552	0.0331	1.6683 0.5994
	Eierstock 0.0270	0.0468	0.5756 1.7372
10	Endokrines_Gewebe 0.0477	0.0451	1.0566 0.9464
	Gastrointestinal 0.0326	0.0324	1.0058 0.9942
	Gehirn 0.0503	0.0277	1.8132 0.5515
	Haematopoetisch 0.0201	0.1894	0.1059 9.4460
	Haut 0.0367	0.2542	0.1444 6.9252
15	Hepatisch 0.0476	0.0388	1.2255 0.8160
	Herz 0.0699	0.0550	1.2721 0.7861
	Hoden 0.0173	0.1403	0.1230 8.1305
	Lunge 0.0395	0.0818	0.4826 2.0720
	Magen-Speiseroehre 0.0676	0.0613	1.1030 0.9066
	Muskel-Skelett 0.0394	0.0300	1.3135 0.7613
20	Niere 0.0462	0.0616	0.7490 1.3351
	Pankreas 0.0347	0.0607	0.5711 1.7510
	Penis 0.0509	0.1600	0.3182 3.1424
	Prostata 0.0327	0.0149	2.1935 0.4559
25	Uterus_Endometrium 0.0000	0.0000	undef undef
	Uterus_Myometrium 0.0076	0.0543	0.1403 7.1284
	Uterus_allgemein 0.0357	0.0000	undef 0.0000
	Brust-Hyperplasie 0.0192		
	Prostata-Hyperplasie 0.0565		
	Samenblase 0.0445		
30	Sinnesorgane 0.0941		
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0390		
	Zervix 0.0319		

	FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0557
	Gastrointestinal 0.0194
	Gehirn 0.0188
40	Haematopoetisch 0.0197
	Haut 0.0000
	Hepatisch 0.0000
	Herz-Blutgefaesse 0.0320
	Lunge 0.0325
45	Nebenniere 0.0000
	Niere 0.0371
	Placenta 0.0242
	Prostata 0.0997
	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit	
55	Brust 0.0340	
	Eierstock_n 0.0000	
	Eierstock_t 0.0101	
	Endokrines_Gewebe 0.0000	
	Foetal 0.0396	
60	Gastrointestinal 0.0244	
	Haematopoetisch 0.0000	
	Haut-Muskel 0.0778	
	Hoden 0.0000	
	Lunge 0.0000	
	Nerven 0.0231	
65	Prostata 0.0479	
	Sinnesorgane 0.0697	
	Uterus_n 0.0291	

Elektronischer Notfallbericht für SEQ. ID. NO: 29

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blase 0.0663	0.0358	1.8523 0.5399
	Brust 0.0512	0.0489	1.0470 0.9551
	Duenndarm 0.0368	0.0496	0.7415 1.3487
	Eierstock 0.0779	0.0728	1.0690 0.9354
10	Endokrines_Gewebe 0.0562	0.0326	1.7242 0.5800
	Gastrointestinal 0.0345	0.0370	0.9319 1.0731
	Gehirn 0.0392	0.0524	0.7482 1.3366
	Haematopoetisch 0.0602	0.0379	1.5880 0.6297
	Haut 0.0587	0.0000	undef 0.0000
15	Hepatisch 0.0095	0.0647	0.1471 6.7999
	Herz 0.0583	0.0550	1.0601 0.9433
	Hoden 0.0173	0.1520	0.1135 8.8080
	Lunge 0.0208	0.0491	0.4234 2.3620
20	Magen-Speiseroehre 0.0387	0.0460	0.8404 1.1900
	Muskel-Skelett 0.0360	0.0420	0.8567 1.1673
	Niere 0.0380	0.0616	0.6168 1.6213
	Pankreas 0.0314	0.0884	0.3552 2.8150
	Penis 0.0689	0.0267	2.5833 0.3871
	Prostata 0.0436	0.0490	0.8901 1.1235
25	Uterus_Endometrium 0.0541	0.0000	undef 0.0000
	Uterus_Myometrium 0.0381	0.1155	0.3301 3.0296
	Uterus_allgemein 0.0815	0.0000	undef 0.0000
	Brust-Hyperplasie 0.0831		
	Prostata-Hyperplasie 0.0446		
	Samenblase 0.0801		
	Sinnesorgane 0.0353		
30	Weisse_Blutkoerperchen 0.0520		
	Zervix 0.0532		

	FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0000
	Gastrointenstinal 0.0389
	Gehirn 0.0188
40	Haematopoetisch 0.0472
	Haut 0.0000
	Hepatisch 0.0260
	Herz-Blutgefaesse 0.0498
	Lunge 0.0614
45	Nebenniere 0.0254
	Niere 0.0741
	Placenta 0.0364
	Prostata 0.0499
	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
55	Brust 0.0000
	Eierstock_n 0.1595
	Eierstock_t 0.0203
	Endokrines_Gewebe 0.0000
	Foetal 0.0093
60	Gastrointestinal 0.0366
	Haematopoetisch 0.0000
	Haut-Muskel 0.0130
	Hoden 0.0000
	Lunge 0.0164
	Nerven 0.0120
65	Prostata 0.0205
	Sinnesorgane 0.0000
	Uterus_n 0.0208

Elektronischer No. 5000 für SEQ. ID. NO: 30

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blase 0.0078	0.0000	undef 0.0000
	Brust 0.0013	0.0000	undef 0.0000
	Duenndarm 0.0092	0.0000	undef 0.0000
	Eierstock 0.0000	0.0000	undef undef
10	Endokrines_Gewebe 0.0034	0.0000	undef 0.0000
	Gastrointestinal 0.0019	0.0000	undef 0.0000
	Gehirn 0.0000	0.0000	undef undef
	Haematopoetisch 0.0000	0.0000	undef undef
	Haut 0.0000	0.0000	undef undef
15	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef undef
	Herz 0.0011	0.0000	undef 0.0000
	Hoden 0.0000	0.0000	undef undef
	Lunge 0.0010	0.0000	undef 0.0000
20	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef undef
	Muskel-Skelett 0.0000	0.0000	undef undef
	Niere 0.0000	0.0000	undef undef
	Pankreas 0.0000	0.0000	undef undef
	Penis 0.0000	0.0000	undef undef
	Prostata 0.0109	0.0021	5.1181 0.1954
25	Uterus_Endometrium 0.0000	0.0000	undef undef
	Uterus_Myometrium 0.0000	0.0340	0.0000 undef
	Uterus_allgemein 0.0102	0.0000	undef 0.0000
	Brust-Hyperplasie 0.0000		
	Prostata-Hyperplasie 0.0000		
	Samenblase 0.0089		
30	Sinnesorgane 0.0000		
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000		
	Zervix 0.0000		

	FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0000
	Gastrointenstinal 0.0000
	Gehirn 0.0000
40	Haematopoetisch 0.0000
	Haut 0.0000
	Hepatisch 0.0000
	Herz-Blutgefaesse 0.0000
	Lunge 0.0000
45	Nebenniere 0.0000
	Niere 0.0000
	Placenta 0.0000
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit	
55	Brust 0.0000	
	Eierstock_n 0.0000	
	Eierstock_t 0.0000	
	Endokrines_Gewebe 0.0000	
	Foetal 0.0000	
60	Gastrointestinal 0.0000	
	Haematopoetisch 0.0000	
	Haut-Muskel 0.0000	
	Hoden 0.0000	
	Lunge 0.0000	
	Nerven 0.0000	
65	Prostata 0.0068	
	Sinnesorgane 0.0000	
	Uterus_n 0.0000	

Elektronischer Nort für SEQ. ID. NO: 31

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blase 0.0000	0.0051	0.0000 undef
	Brust 0.0038	0.0019	2.0416 0.4898
	Duenndarm 0.0031	0.0000	undef 0.0000
	Eierstock 0.0030	0.0104	0.2878 3.4745
10	Endokrines_Gewebe 0.0034	0.0100	0.3396 2.9444
	Gastrointestinal 0.0057	0.0046	1.2425 0.8048
	Gehirn 0.0111	0.0051	2.1599 0.4630
	Haematopoetisch 0.0040	0.0000	undef 0.0000
	Haut 0.0000	0.0000	undef undef
15	Hepatisch 0.0048	0.0000	undef 0.0000
	Herz 0.0095	0.0000	undef 0.0000
	Hoden 0.0058	0.0000	undef 0.0000
	Lunge 0.0042	0.0102	0.4064 2.4605
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef undef
	Muskel-Skelett 0.0034	0.0060	0.5711 1.7510
20	Niere 0.0163	0.0068	2.3791 0.4203
	Pankreas 0.0017	0.0000	undef 0.0000
	Penis 0.0090	0.0000	undef 0.0000
	Prostata 0.0022	0.0021	1.0236 0.9769
25	Uterus_Endometrium 0.0135	0.0000	undef 0.0000
	Uterus_Myometrium 0.0000	0.0340	0.0000 undef
	Uterus_allgemein 0.0000	0.0000	undef undef
	Brust-Hyperplasie 0.0224		
	Prostata-Hyperplasie 0.0030		
	Samenblase 0.0089		
30	Sinnesorgane 0.0000		
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0061		
	Zervix 0.0213		

	FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0000
	Gastrointestinal 0.0028
	Gehirn 0.0125
40	Haematopoetisch 0.0000
	Haut 0.0000
	Hepatisch 0.0000
	Herz-Blutgefaesse 0.0036
	Lunge 0.0036
45	Nebenniere 0.0254
	Niere 0.0062
	Placenta 0.0303
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0126

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
55	Brust 0.0000
	Eierstock_n 0.0000
	Eierstock_t 0.0000
	Endokrines_Gewebe 0.0000
	Foetal 0.0000
60	Gastrointestinal 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000
	Haut-Muskel 0.0000
	Hoden 0.0000
	Lunge 0.0082
	Nerven 0.0000
65	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000
	Uterus_n 0.0000

2.2 Fisher-Tes

Um zu entscheiden, ob eine Partial-Sequenz S eines Gens in einer Bibliothek für Normal-Gewebe signifikant häufiger oder seltener vorkommt als in einer Bibliothek für entartetes Gewebe, wird Fishers Exakter Test, ein statistisches Standardverfahren (Hays, W. L., (1991) Statistics, Harcourt Brace College Publishers, Fort Worth), durchgeführt.

Die Null-Hypothese lautet: die beiden Bibliotheken können bezüglich der Häufigkeit zu S homologer Sequenzen nicht unterschieden werden. Falls die Null-Hypothese mit hinreichend hoher Sicherheit abgelehnt werden kann, wird das zu S gehörende Gen als interessanter Kandidat für ein Krebs-Gen akzeptiert, und es wird im nächsten Schritt versucht, eine Verlängerung seiner Sequenz zu erreichen.

Beispiel 3

Automatische Verlängerung der Partial-Sequenz

Die automatische Verlängerung der Partial-Sequenz S vollzieht sich in drei Schritten:

1. Ermittlung aller zu S homologen Sequenzen aus der Gesamtmenge der zur Verfügung stehenden Sequenzen mit Hilfe von BLAST
2. Assemblierung dieser Sequenzen mittels des Standardprogramms GAP4 (Bonfield, J. K., Smith, K. F., und Staden R. (1995), Nucleic Acids Research 23 4992-4999) (Contig-Bildung).
3. Berechnung einer Konsens-Sequenz C aus den assemblierten Sequenzen

Die Konsens-Sequenz C wird im allgemeinen länger sein als die Ausgangssequenz S. Ihr elektronischer Northern-Blot wird demzufolge von dem für S abweichen. Ein erneuter Fisher-Test entscheidet, ob die Alternativ-Hypothese der Abweichung von einer gleichmäßigen Expression in beiden Bibliotheken aufrechterhalten werden kann. Ist dies der Fall, wird versucht, C in gleicher Weise wie S zu verlängern. Diese Iteration wird mit der jeweils erhaltenen Konsensus-Sequenzen C_i (i : Index der Iteration) fortgesetzt, bis die Alternativ-Hypothese verworfen wird (if H_0 Exit; Abbruchkriterium I) oder bis keine automatische Verlängerung mehr möglich ist (while $C_i > C_{i-1}$; Abbruchkriterium II).

Im Fall des Abbruchkriteriums II bekommt man mit der nach der letzten Iteration vorliegenden Konsens-Sequenz eine komplette oder annähernd komplette Sequenz eines Gens, das mit hoher statistischer Sicherheit mit Krebs in Zusammenhang gebracht werden kann.

Analog der oben beschriebenen Beispiele konnten die in der Tabelle I beschriebenen Nukleinsäure-Sequenzen aus Uterusmyomgewebe gefunden werden.

Ferner konnten zu einzelnen Nukleinsäure-Sequenzen die Peptidsequenzen (ORF's) bestimmt werden, die in der Tabelle II aufgelistet sind, wobei wenigen Nukleinsäure-Sequenzen kein Peptid zugeordnet werden kann und einigen Nukleinsäure-Sequenzen mehr als ein Peptid zugeordnet werden kann. Wie bereits oben erwähnt, sind sowohl die ermittelten Nukleinsäure-Sequenzen, als auch die den Nukleinsäure-Sequenzen zugeordneten Peptid-Sequenzen Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

TABELLE I

5

Sequenz ID No.:	Wahrscheinlichkeit für eine spezif. Expression im Tumorgewebe	Funktion	Länge des Ausgangs-EST in Basen	Länge der angemeldeten Sequenz in Basen	Chromosomal Lokalisation
1	97,79 Human mRNA for ornithine decarboxylase antizyme		288	779	
2	96,72 Human MEST mRNA		276	2310	
3	99,94 Human cocaine and amphetamine regulated transcript CART (hCART)		243	854	
4	99,12 Human microfibril-associated glycoprotein (MFAP2)		291	1112	
5	96,43 Human mRNA for KIAA0108 gene		181	1051	
6	100,00 Human SPARC/osteonectin		238	1516	
7	96,72 Homo sapiens splicing factor, arginine/serine-rich 7 (SFRS7)		180	2367	
8	90,08 Human triosephosphate isomerase		268	568	
9	92,98 Human nuclear ribonucleoprotein particle (hnRNP) C		283	1775	
10	99,91 Human thymosin beta-4		277	509	
11	99,88 Human growth hormone-dependent insulin-like growth factor-binding protein mRNA		258	2191	
12	99,69 Human H19		313	1769	
13	94,47 Human cellular retinoic acid-binding protein II (CRABP)		248	1026	
14	92,61 unbekannt		273	676	
15	93,54 unbekannt		286	1254	
16	96,72 Homolog zu Homo sapiens mRNA for putatively prenylated protein		253	537	
17	90,08 unbekannt		260	823	
18	95,77 Humanes Homolog zu P. vivax pva1 gene		261	1082	
19	97,66 Human lumican mRNA		259	1548	
20	99,78 Human 37 kD laminin receptor precursor/p40 ribosome associated protein		192	844	
21	92,95 Human YMP		256	862	
22	93,54 Human NADH-ubiquinone oxidoreductase MLRQ subunit		302	546	
23	92,98 Human mRNA for coupling protein G(s) alpha-subunit		268	1591	
24	90,08 Human hnRNP core protein A1		266	441	
25	97,74 Human HMG-17 gene for non-histone chromosomal protein		273	1131	
26	93,54 H.sapiens mRNA for prolactin (clone PRL205)		324	1071	

Sequenz ID No.:	Wahrscheinlichkeit für eine spezif. Expression im Tumorgewebe	Funktion	Länge des Ausgangs-EST in Basen	Länge der angemeldeten Sequenz in Basen	Chromosomal Lokalisation
27	93,54	Human mRNA for neurite outgrowth-promoting protein.	296	896	
28	95,82	H.sapiens mRNA for proliferation-associated gene (pag)	304	1050	
29	96,96	H.sapiens alpha NAC	315	581	
30	93,54	unbekannt	264	264	
31	93,54	unbekannt	111	111	

TABELLE II

DNA-Sequenz n Seq. ID. No.	Peptid-Sequenz n (ORF's) Seq. ID. No.
5	
14	32
	33
	34
15	35
	36
	37
16	38
	39
17	40
	41
	42
18	43
	44
	45
30	46
	47
31	48
	49
	50
	51

Die erfinderischen Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 31 der ermittelten Kandidatengene und die ermittelten Aminosäure-Sequenzen Seq. ID No. 32 bis Seq. ID No. 51 werden in dem nachfolgenden Sequenzprotokoll beschrieben.

Sequenzprotokoll

(1) ALLGEMEINE INFORMATION:

15

(i) ANMELDER:

- (A) NAME: metaGen - Gesellschaft für Genomforschung mbH
- (B) STRASSE: Ihnestrasse 63
- (C) STADT: Berlin
- (E) LAND: Deutschland
- (F) POST CODE (ZIP): D-14195

20

(G) TELEFON: (030)-8413 1673
 (H) TELEFAX: (030)-8413 1674

5

(ii) TITEL DER ERFINDUNG: Menschliche Nukleinsäure-Sequenzen aus Uterusmyomgewebe

10

(iii) Anzahl der Sequenzen: 51

15

(iv) COMPUTER READABLE FORM:

- (A) MEDIUM TYPE: Floppy disk
- (B) COMPUTER: IBM PC compatible
- (C) OPERATING SYSTEM: PC-DOS/MS-DOS
- (D) SOFTWARE: PatentIn Release #1.0, Version #1.25 (EPO)

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 1:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 779 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

30

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

35

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

40

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:1

45

```

agcgagcagc ggcggcgccg cggagagacg cagcggaggt tttcctgggt tcggacccca 60
gcggccggat ggtaaatcc tccctgcagc ggatcctcaa tagccactgc ttgcgccagag120
agaaggaagg ggataaaccc agcgccacca tccacgcag cccgaccatg ccgctccta180
gcctgcacag cccggggccgc agcagcagtg agagttccag ggttccctc cactgctgta240
gtAACCCGGG tccggggcct cggtgtgct cctgatggcc ctacacccacc cctgaagatc300
ccaggtggc gagggaatag tcaaaggac cacaatctt cagctaactt attctactcc360
gatgatccgc tgaatgtaac agaggaacta acgtccaacg acaagacgag gattctcaac420
gtccagtcga ggctcacaga cgccaaacgc attaactggc gaacagtgtct gagtgccggc480
actgctctac atcgagatcc cggccggcgc gctgcccag gggagcaagg acagcttgc540
50 agttctctg ggagttcgct gaggagcagc tgcgaggccg accatgtctt aatttgcttc600
cacaagaacc ccgaggacag agccgcctg ctccgaacct tcagctttt cgggcttgag660
atttgagac cggggcatcc ctttggtcc ccaagagacc cgacgcttgc ttcatgggcc720
tacaagttc gagagagagt ctttgggag aggaagaagg attagggcc gcgtcgggt 779

```

(2) INFORMATION NUMBER SEQ ID NO: 2:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 - (A) LÄNGE: 2310 Basenpaare
 - (B) TYP: Nukleinsäure
 - (C) STRANG: einzeln
 - (D) TOPOLOGIE: linear
 - (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA
 - iii) HYPOTHETISCH: NEIN
 - iii) ANTI-SENSE: NEIN
 - (vi) HERKUNFT:
 - (A) ORGANISMUS: MENSCH
 - (C) ORGAN:
 - vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 - (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
 - (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:2

25	gttctccgaa acatggagtc ctgttaggcaa ggtcttacct gaatcaggat gagggagtgg tgggtccagg tggggctgct ggccgtgccc ctgcttgctg cgtacctgca catcccaccc 120 cctcagcgct cccctgcct tcactcatgg aagtcttcag gcaagtttt cacttacaag 180 ggactgcgta tcttctacca agactctgtg ggtgtgggtg gaagtccaga gatagttgtg 240 ctttacacg gtttccaac atccagctac gactggtaca agattggga aggtctgacc 300 30 ttgagggttc atcgggtgat tgcccttgat ttcttaggct ttggcttcag tgacaaaccc 360 agaccacatc actattccat atttgagcag gccagcatcg tggaaagcgc 360 ctggggctcc agaaccgcag gatcaaccc ttctctcatg actatggaga tttgcggcat 420 caggagcttc tctacaggta caagcagaat cgatctggtc ggcttaccat tattgtgtct 480 tgtctgtcaa atggaggtat ctcccttgag actcaccgtc cactccttct aaagagtc 540 35 ctc当地 agatg gaggtgtgt gtcaccatc ctc当地 cgc当地 tgatgaactt cccaaaagcta 600 tctcgaggtc tc当地 cgttggccg tatactcgcc cctctgagag ctttgtattc 660 gacatgtggg cagggatccg caacaatgac gggacttag tcattgacag tgagctgtgg 720 tacatcaatc agaggaagaa gttc当地 cgttgggtgg gagctcttgc tctcttacag 780 atccccatcc atttatcta tggccattt gatctgtaa atccctatcc ctctgttaact 840 gagctgtaca ggaaaacgct gccc当地 acagtgtcga ttctggatga agagttttg 900 caactatccac agctagagga tcccatggc ttcttgaatg catatatggg ccacattagc 960 45 tc当地 ctggaaagag tagctccct gtattacctc ccctactccc cttcatcaac 1020 tgtattccac ttaggaagaa atgccccaaa gaggtcctgg ccatcaaaca ttatgtgttg 1080 acaaaagtcca ct当地 attggtaac agtgtatagg aagaagccag taattctctc 1140 gactaaggtt gacataatag tccacccccc attactttga tatctgatca caggagctct 1200 cttggctttg tttttgtgc tattagaaaa ttctgtatgag cattactatt aatgtatagal 1260 50 gaaagacgtt ct当地 aaagacttt ttaacactt tggacttctc cactgatgca 1320 agaagtgc当地 atttctggcc caccccaac aggaattcta tagtaagggg tgaaatattt 1380 ggggctcctt ccctctcctc gaatgacgtt atgggcacat gc当地 taaaagac 1440 gcaacacaga gctgagtc当地 ct当地 ctttggatt tagtgtttca agttcttaa 1500 ttagttataaa acatggtaaaaatagata ttggttaaa tgatacagta tcagctgttt 1560 gatttaagac tatgatttac ct当地 tatatatttt ataaagatac ttttaggtat 1620 tacccttact ctgccc当地 agtgaagcta attaaacacg tttggttct taaaccagca 1680 aactaaatcc aaactatttcc taaaatcac aggacattaa ggaccaatag gaataaattt 1740 55 agagatgtac tggtaatttgc tgggaagacc aattctaaaca gcaaaaataaca catctgtgcc 1800 cctcataaccc tgggttag aagcatgtct ctcttgagct acagtagagg gtctgagact 1860 gttgtgttagt caagtccacca tgctgaatgt acactgattc ctttatgtat ggaagggtt 1920 tccccactqc ctgccc当地 gaggttcc aatgtagctc agtaatttct actgcttaac 1980 gttactttac 2040
----	--

5 agacaggaaa gttccaa cttaagaac aaactctgaa aga...ga gcaaatggtg2100
 ctgaatactt tttt...aa gccacatttc attgtcttag tcaaageagg attattaagt2160
 gattatttaa aattcggttt tttaaattag caactcaag tataacaact ttgaaactgg2220
 aataagtgtt tatttttat taataaaaat gaattgtgac aaaaaaaaaa aaaggcttcg2280
 gctttgaag tctatgtgtg ggggggggg 2310

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 3:

- 10 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 (A) LÄNGE: 854 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear
- 15 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA
- 20 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- 25 (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:
- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
- 30 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:3

35 ctgcacgggg gctcgggctc actataaaag gtgggagcgc gtgggtcccc agcaacgacg 60
 agtttcagaa cgatggagag ctcccgcgtg aggctgctgc ccctcctggg cgccgcctg120
 ctgctgatgc tacctctgtt gggtacccgt gcccaggagg acgcccagct ccagccccga180
 gcccctggaca tctactctgc cgtggatgat gcctccacg agaaggagct gatcgaagcg240
 ctgcaagaag tcttgaagaa gctcaagagt aaacgtgttc ccatctatga gaagaagtat300
 gccaaggatcc ccatgtgtga cggccgttag cagtgtcag tgagggaaagg ggcaaggatc360
 gggaaagctgt gtgactgtcc ccgaggaacc tcctgcaatt ctttcctcct gaagtgccta420
 tgaaggggcg tccattctcc tccatacacatc cccatccctc tactttcccc agaggaccac480
 accttcctcc ctggagttt gcttaagcaa cagataaaagt ttttattttt ctctgaagg540
 aaagggtctt tttcctgctg tttcaaaaat aaaagaacac attagatgtt actgtgtgaa600
 gaataatgcc ttgtatgggt ttgatacgtg tgtgaagtat ttttattttt tttgtctgac660
 45 aaactcttgt gtacctttgt gtaaagaagg gaagctttgt ttgaaaattt ttttttgta720
 tgtggcatgg cagaatgaaa attagatcta gctaattctcg gtagatgtca ttacaacctg780
 gaaaataaat caccctaagt gacacaaatt gaagcatgta caaattatac ataataaaagt840
 gtttttaata attg 854

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 4:

- 50 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 (A) LÄNGE: 1112 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

5

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

10

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 4

cgccagcccc	gtcgggggcc	cggaggggac	tcggagcggg	ccaaggggcg	gctccggcgg	60
gcccactcgg	agcgggcggc	ggagtgaccc	ggacagctgt	cctctctgac	accaccccg	120
cctgccttctt	tgttgccatg	agagctgcct	acctcttcct	gctattcctg	cctgcaggct	180
tgctggctca	ggccagttat	gacctggacc	cgctgccgcc	gttccctgac	cacgtccagt	240
acacccacta	tagcgaccag	atcgacaacc	cagactacta	tgattatcaa	gaggtgactc	300
ctcggccctc	cgaggaacag	ttccagttcc	agtcccagca	gcaagtccaa	caggaagtca	360
tcccagcccc	aaccccgaaa	ccagggaaatg	cagagctgga	gcccacagag	cctggccctc	420
ttgactgccc	tgaggaacag	taccctgtca	ccgcctcta	ctccatacac	aggccttgca	480
25	aacagtgtct	caacgaggc	tgcttctaca	gcctccggc	tgtgtacgtc	attaacaagg
	agatctgtgt	tctgtacagt	tgtgcccatt	aggagctct	ccgagctgac	ctctgtcggg
	acaagttctc	caaatgtggc	gtgtatggca	gcagcggcct	gtgccaatcc	gtggccggct
	cctgtgccag	gagctgtggg	agctgtctagg	gtgggtctgg	catccttagt	cctggccctc
	ctgggatctg	ggggccctcgg	gccctgcctg	acctgggtct	ttttttccca	tccccatgtt
30	ccttttattc	tgtaaaaagt	tagttgactg	cagccctggg	ggttgcaggg	tgcggtgcc
	caggccctc	tttcagccctg	tggccaccc	tggggcacga	tgggggctcc	ccactgccc
	gtctgcccct	ggggttgggg	gagttatccca	ggcctctctg	tgggaccctg	ggccctgacg
	ggccttctca	gcccgttttg	aggacagaca	gtccccccag	gtaggctaca	tccccccacc
35	ccagctggtc	tgcttggatt	tcctacagcc	cccggtggca	tggaccacct	ttatttata
	caaaaattaaa	aacaagttt	tacaaaaaaa	aa		1112

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 5:

45

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1051 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

55

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

5 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 844 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

15 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

15 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 20

25 acctgcagag gggccatcac ggcgttgttc tggattcccc tcgtaactta aaggaaatt 60
 ttcacaatgt ccggagccct tcatgtcctg caaatgaagg aggaggatgt ccttaagttc120
 ctgcagcag gaaccactt aggtggcacc aatcttgact tccagatgga acagtacatc180
 tataaaagga aaagtgtatgg catctatatac ataaatctca agaggacctg ggagaagctt240
 ctgctggcag ctcgtgcaat tttgccatt gaaaaccctg ctgatgtcag tgatatatcc300
 30 tccaggaata ctggccagag ggctgtgctg aagtttgctg ctgccactgg agccactcca360
 attgctggcc gtttactcc tggAACCTTC actaaccaga tccaggcagc cttccgggag420
 ccacggcttc ttgtggttac tgaccccagg gctgaccacc agcctctcac ggaggcatct480
 tatgttaacc tacctaccat tgcgtgtgt aacacagatt ctcctctgcg ctatgtggac540
 attgcaatcc catgcaacaa caaggtaatg attttagat cttagagttt tgaatgcgtg600
 35 ctctagaaaa aacattctgt tgcacattgt tagagcttgg agttgaggct actgactggc660
 cgatgaactc gcaagtgttag gtatgtgt acatgagggg caagtttgc ctaacaccac720
 aagggtctct ggcctaattgt gtggagttt atagtaattc ttgttacaag tataacatta780
 ctgcatgaca gctttgtgga gaaatgaaaa catttggaaa atagtgtgtt ctctgccttg840
 tcca 844

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 21:

45 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 862 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

55 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

5 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 21

10 gagcaagaga gaaggaggcc cagacagtga gggcaggagg gagagaagag acgcagaagg 60
 agagcgagcg agagagaaag gttctggat tgggggggag agcaagggag ggaggaaggc120
 ggtgagagag gcggggggctt cgggagggtg aaagggggga ggagaaggc ggggcacgg180
 ggcccggagcg agggacaaga ctccgactcc agctctgact ttttcgcgg ctctcggtt240
 ccactgcagc catgtcactc ctctgtctgg tggtctcagc cttcacatc ctcatctta300
 tactgcttt cgtggccact ttggacaagt cctgggtggac tctccctggg aaagagtccc360
 15 tgaatctctg gtacgactgc acgttggaca acgacaccaa aacatgggcc tgcaataatg420
 tcagcgagaa tggctggctg aaggcggtgc aggtcctcat ggtgctctcc ctcattctct480
 gctgtctctc cttcatcctg ttcatgttcc agtctacac catgcgacga ggaggtctct540
 tctatgccac cggcctctgc cagcttgca ccagcgtggc ggtgtttact ggcgccttga600
 tctatgccat tcacgcccag gagatcctgg agaagcaccc gcgagggggc agttcggat660
 20 actgcttcgc cctggctgg gtggccttcc ccctcgccct ggtcagcggc atcatctaca720
 tccacctacg gaagcgggag tgagcggccc gcctcgctcg gctgcccccg ccccttcccg780
 gccccctcg ccgcgcgtcc tccaaaaaat aaaaccttaa ccgcgggaa aaaaaaaaaa840
 aaaaaggaag gaaaaaaaaaa aa 862

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 22:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 546 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

35

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

45

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:22

50 cccagccaag ggtccttcag gtaggaggtc ctgggtgact ttggaagtcc gtagtgtctc 60
 attgcagata atttttagct tagggcctgg tggcttaggtc ggttctctcc tttccagtcg120
 gagacctctg ccgcaaacat gctccgcccag atcatcggtc aggccaagaa gcatccgagc180
 ttgatcccccc tctttgtatt tattgaaact ggagctactg gagcaacact gtagtcttg240
 cgtctggcat tggtaatcc agatgttgt tgggacagaaa ataaccaga gcccttggAAC300
 55 aaactgggtc ccaatgatca atacaagttc tactcagtgta atgtggatta cagcaagctg360
 aagaaggaac gtccagattt ctaaatgaaa tggtaatcacta taacgctgct ttagaatgaa420

ggtcttccag aagccacatc cgacacaattt tccacttaac caggaaat ttctcctctt 480
 aaatgaatga aatcaat gggggcgct attggaagcc ctattgt tcaagtgttg 540
 aataaa 546

5

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 23:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1591 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

15

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iv) ANTI-SENSE: NEIN

20

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

25

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 23

30

gccgaggagc cgagccccgcc accccccccgc ccgcccggc cgcgcattggg ctgcctcg 60
 aacagtaaga ccgaggacca ggcacacgag gagaaggcgc aggtgaggcc aacaaaaaga 120
 tcgagaagca gctgcagaag gacaagcagg tctaccggc cacgcaccgc ctgctgctgc 180
 tgggtgctgg agaatctggt aaaagcacca ttgtgaagca gatgaggatc ctgcattgtta 240
 atgggtttaa tggagacagt gagaaggcaa ccaaagtgcg ggacatcaaa aacaacctga 300
 aagaggcgat tgaaaccatt gtggccgcca tgagcaacct ggtgcccccc gtggagctgg 360
 ccaaccggcga gaaccagtgc agagtggact acattctgag tgttatgaaac gtgcctgact 420
 ttgacttccc tccccaaattc tatgagcatg ccaaggctct gtgggaggat gaaggagtgc 480
 gtgcctgcta cgaacgcctcc aacgagtacc agctgatgatc ctgtgcccag tacttcctgg 540
 acaagatcga cgtgatcaag caggtgact atgtgcccag cgatcaggac ctgcgtcg 600
 gccgtgtcct gacttctgga atctttgaga ccaagttcca ggtggacaaa gtcaacttcc 660
 acatgtttga cgtgggtggc cagcgcgtat aacgcccggaa gtggatccag tgcttcaacg 720
 atgtgactgc catcatcttc gtggggcca gcagcagcta caacatggtc atccggagg 780
 acaaccagac caaccgcctg caggaggctc tgaaccttt caagagcatc tggaaacaaca 840
 gatggctgcg caccatctt gtgatcctgt tcctcaacaa gcaagatctg ctcgcgtgaga 900
 aagtcccttgc tggaaatcg aagattgagg actacttcc agaatttgct cgctacacta 960
 ctcctgagga tgctactccc gagccggag aggacccacg cgtgaccggg gccaagtact 1020
 tcattcgaga tgagttctg aggatcagca ctgcgcgtgg agatggcggt cactactgt 1080
 accctcattt cacctgcgt gtggacactg agaacatccg ccgtgtttc aacgactgcc 1140
 gtgacatcat tcagcgcgt caccttcgtc agtacgagct gctctaagaa gggaaaccc 1200
 50 aaatttaatt aaagcattaa gcacattaa taaaatgtg aacgtattt tacaagcgt 1260
 taatcacccca ccataggcgt tgatiaacaa agcaacccctt ccctcccccc gagtgatttt 1320
 gcgaaacccc cttttccctt cagcttgcctt agatgttcca aatttagaaa gcttaaggcg 1380
 gcctacagaa aaaggaaaaaa aggcacaaa agtccctct cactttcagt aaaaataat 1440
 aaaacacgacg cagcaacaaa ataaaaatgaa ataaaaagaaa caaatgaaat aaatattgtgl 1500
 55 ttgtgcagca taaaaaaaaa tcaaaaataaa aattaaatgt gagcaaaagga aaaaaaaaaa 1560
 ggcaaaaaggg gaaagaagaa aagggggggg g 1591

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 24:

- (i) SEQUENZ-CHARAKTERISTIK:
 - (A) LÄNGE: 441 Basenpaare
 - (B) TYP: Nukleinsäure
 - (C) STRANG: einzeln
 - (D) TOPOLOGIE: linear
 - (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA
 - (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
 - (iv) ANTI-SENSE: NEIN
 - (vi) HERKUNFT:
 - (A) ORGANISMUS: MENSCH
 - (C) ORGAN:
 - vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 - (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
 - (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 24

```

ggcaggcgaga tacgttgcgtc agcttgctcc tttctgccccg tggacgcccgc cgaagaagca 60
tcgttaaagt ctctcttcac cctggccgtca tgtctaagtc agagtccttccaaagagcccg120
aacagctgag gaagctcttc attggagggt tgagcttga aacaactgat gagagcctgaa180
ggagccattt tgagcaatgg ggaacgctca cggactgtgt ggtaatgaga gatccaaaca240
ccaagcgctc cagggggcttt gggtttgcgtca catatgccac tggatgcag300
ctatgaatgc aaggccacac aagggtggatg gaagagttgt ggaacccaaag agagctgttt360
cagagaagat ttgaaaagcc aggtgccact tacctgtgaa aaggtatttg ttgggtggatt420
aaggagcact tgagacatca c 441

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 25:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 - (A) LÄNGE: 1131 Basenpaare
 - (B) TYP: Nukleinsäure
 - (C) STRANG: einzeln
 - (D) TOPOLOGIE: linear
 - (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA
 - iii) HYPOTHETISCH: NEIN
 - iii) ANTI-SENSE: NEIN
 - (vi) HERKUNFT:
 - (A) ORGANISMUS: MENSCH
 - (C) ORGAN:
 - vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 - (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 25

5	cgggaggtga aatccgggttc taaccgggcc ggggctccca gcgcataaaa aactttataa 60 acccccccgga gcccgagcag tgtgaagaag aggcgagaac gaccccccggga ccgaccaaag 120 cccgcgcc gctgcattcc gcttccagca cttacgtccc gctgcccgtcg ccgcccac 180 catgccccaaag agaaaaggctg aaggggatgc taaggggat aaagcaaagg tgaaggacga 240 accacagaga agatccgcga gggtgtctgc taaacctgct cttccaaagc cagagccaa 300 gcctaaaaaaag gcccgtcaa agaaggggaga gaaggtaccc aaaggggaaa agggaaaagc 360
10	tgtatgctggc aaggagggga ataaccctgc agaaaatgga gatgcacaaa cagaccaggc 420 acagaaagct gaaggtctg gagatccaa gtgaagtgtg tgcattttg ataaactgtgt 480 acttctgtgt actgtacagt ttgaaatact attttttata aagtttataaaaatgcaga 540 attttgtttt actttttttt ttttttaaa agctatgtt ttagcacaca gaacactca 600 tttgtgtttt tgggggaagg ggcataatgtc actaatagaa tgtctccaaa gctggattga 660
15	tgtggagaaa acacccccc cttctagtt tgagagactt ccttggcgt cccaggagga 720 gggattccct gacttgcaca cacatggcca cttggcaca aaagcctgt ggtataagaaa 780 aacaatttg ttttatgtc ctcttctccc tttccatctt tcagcataga cttaactccc 840 ttaagccag acatctgtt agacctgacc cctagtcatt gtttaccagt gtgtcaggca 900
20	atctggactt tccagtgtat ccactgagat ggcacctgtc aaaagagcag tggttccatt 960 tctagatgtt ggatcttcag ataaattctg ccattttcat ttcacttcct gaaagtcagg 1020 gtcggtctgt gaaaagttgt taaacaacat gctaaatgtg aaatgtcaac cctcactcta 1080 aaactttcc ctgggtcaga ggatccgatg gaggacttca attgggggtt t 1131

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 26:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1071 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

35 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

45 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 26

50	gtaccctcaa agacagagac accaagaaga atcggAACAT acaggctttg atatcaaagg 60 tttataaaagc caatatctgg gaaagagaaa accgtgagac ttccagatct tctctgggtga 120 agtgttgttt cctgcaacga tcacgaacat gaacatcaaa ggatcgccat ggaaagggtc 180 cctcctgtcg ctgctgggtg caaacctgct cctgtgccag agcgtggccc cttgcccac 240 ctgtcccccgc gggctgccc gatgccaggt gacccttcga gacctgtttg accgcggcgt 300 cgtccctgtcc cactacatcc ataacccttc ctcagaaaatg ttcaagcgaat tcgataaaacg 360 gtatacccat ggccgggggt tcattaccaa ggccatcaac agctgccaca cttctccct 420 tgccacccccc gaagacaagg agcaagccca acagatgaat caaaaagact ttctgagcct 480 55 gatagtctcgc atattgcgtat cctggatga gcctctgtat catctggtca cggaagtacg 540 tggtatgcaa gaagccccgg aggctatccct atccaaagct gtagagattg aggagcaaac 600
----	---

caaacggctt ctagacca tggagctgat agtcagccag gttcatcctg aaaccaaaga 660
 aaatgagatc taccctt ggtcgggact tccatccctg cagatctg atgaagagtc 720
 tcgccttct gcttattata acctgctcca ctgcctacgc agggatcac ataaaatcga 780
 5 caattatctc aagctcctga agtgcgaat catccacaac aacaactgct aagcccacat 840
 ccatttcatc tatttctgag aaggcctta atgatccgtt ccattgcaag cttcttttag 900
 ttgtatctct tttgaatcca tgcttgggtg taacaggctc cctcttaaaa aataaaaaact 960
 gactccttag agacatcaaa atctaaaaaa acttaatggg ccggcgccag tggctcatgg1020
 ctgtggtccc ggactttgg gaggccgagg caggcggatc aggaggtcag g 1071

10 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 27:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 896 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

20 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

25 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

30 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID:27

35 gtgaccggct cagacccggtt ctggagacaa aaggggccgc ggccggccgga gcgggacggg 60
 cccggcgcgg gaggggagcga agagcgcggg cagcggcga gatgcagcac cgaggcttcc120
 tcctcctcac cctcctcgcc ctgctggcgc tcacctccgc ggtcgccaaa aagaaagata180
 aggtgaagaa gggcgccccg gggagcggat ggcgtggatg ggcttggggg ccctgcaccc240
 ccagcagcaa ggattgcggc gtgggtttcc gcgaggccac ctgcggggcc cagaccac300
 gcatccggtg cagggtgccct tgcaactgga agaaggagtt tggagccgac tgcaagtaca360
 agtttgagaa ctgggggtgcg tggatgggg gcacaggcac caaagtccgc caaggcacc420
 tgaagaaggc ggcgtacaat gtcgtggcc aggagaccat ccgcgtcacc aagccctgca480
 ccccaagac caaagcaaag gccaaagccca agaaaggaa gggaaaggac tagacgccaa540
 gcctggatgc caaggagcccc ctgggtgtcac atggggcctg gcccacgccc tccctctccc600
 aggcccgaga tggatggccac cagtgccttc tggatgttcg ttagctttaa tcaatcatgc660
 45 cctgccttgt ccctctcaact ccccgcccc acccctaagt gcccaaagtg gggagggaca720
 agggattctg ggaagcttga gcctccccc aagcaatgtg agtcccagag cccgctttg780
 ttcttccccca caattccatt actaagaaac acatcaaata aactgacttt ttccccccaa840
 aaaaagctct tcttttttaa tataaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aagaaa 896

50 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 28:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1050 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYPE: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

5 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- 10 (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- 15 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

15 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 28

	ttttcatttt tttttttttt ttttcttag ttcaagttta atacaaacta caaaaagatta	60
	atgggttgct ctactaatac atcatacaaa ccagtagcct gcccacaacg ccaactcagg	120
	ccattcctac caaaggaaga aaggctggc tctccacccc ctgttaggaaa ggcctgcctt	180
	gtaagacacc acaattcgcc tgaatctgaa gtcttgtgtt ttactaatgg aaaaaaaaaa	240
	tacagaagag gttttgttct catggctgcc caccgcagcc tggcactaaa acagcccagc	300
	gctcaacttct gcttggagaa atattcttgc ctcttttggaa catcaggcatt gatggatca	360
25	ctgccagggtt tccagccagc tgggcacact tccccatgtt tgtcagtgaa ctggaaggcc	420
	tgaactagtc tcaaagtctc atccacagag cggccaaacag ggaggtcatt tacagtgtac	480
	tgccgaagaa tacccttatac atcaatgata aaaaggcccc tgaacgagat gccttcatca	540
	gcctttaaga cccccataatc ctgagcaatg gtgcgcttcg ggtctgatac caaaggaatg	600
	ttcatgggtc ccagtcctcc ttgtttctta ggtgtattga cccatgctag atgacagaag	660
30	tgagaatcca cagaagcacc aatcaacttgg cagttgagtt tcttaaattt ttctgcccata	720
	tcactgaaag caatgatctc cgtggggcac acaaagggtga agtcaagagg gtaaaaagaag	780
	aacacaacat attttcctt gtagtcagac aggctgatat cttaaactg accatctggc	840
	ataacagctg tggcttggaa gttgggggca gggtgcccaa ttttagcatt tcctgaagac	900
	atcttccttat cagcagtccc aacacaagtc gcagaaacta accaccgaca ccaggaaga	960
35	acaagacgcg caagagctct ccggggcgct gcctttatag ccagtagggta tctcgccaca	1020
	gtcggaacgg acgggggtgc cggagtagga	1050

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 29:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 581 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYPE: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

50 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTECAS: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 29

5	caggcttcct	tctggcaaca	ggcgtgggtc	acgctctcg	tcggctttc	tgccgcacat	60
	ttgggtccgc	gttccctgca	caaaatcccc	ggcgaacacc	agaaaaccgtc	cctgctacagl	120
	acgaggagt	gccgcagccc	caggctgaga	cagggtctgg	aacagaatct	gacagtgtatg	180
10	aatcagtacc	agagcttgaa	gaacaggatt	ccacccagc	aaccacacaa	caagcccagc	240
	ttggcggcagc	agctgaaatc	gatgaagaac	cagtcaat	agcaaaaacag	agtcggagtg	300
	aaaagaaggc	acgaaaggct	atgtccaaac	tgggtcttcg	gcaggttaca	ggagttacta	360
	gagtcaat	ccgaaatct	aagaatatcc	tctttgtcat	cacaaaacca	gttgtctaca	420
	agagccctgc	ttcagatacg	tacatagtt	ttggggaaagc	cagatcgaag	attatcccag	480
15	caaggcacaac	tagcagctgc	tgagaagtca	agttcaggtg	aactgtctca	acgttcagga	540
	aaccccccgc	ttccactgt	gagggggagt	aagggggagg	t		581

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 30:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 264 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

30 UN ANTI-SENSE, NEIN

48 HERKUINET

HERKUNFT:

(A) ORGANIC

(viii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 30

gggactatgt ttgtggcctg cggaaagaagt ttgtgtgggg actgtgggca gtgaatgcgt 60
tgggaacaat atggaaaact gggagctgcc ctcatgtttct ccccaagttt gactcaacttt 120
cggggtgtcc caaaaagcctg attccaggcctt ctgtcttagccc gaccccggtt acgcctccac 180
ccgcgcctgg cccccagcctt caccggcgat cgccggccctc cggggcacac cctccggccag 240
aaaaacaaacca qccggggccacq agac 264

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 31:

50 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 111 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assembly und Editierung hergestellte partiale cDNA

5 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

10 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

15 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 31

cggcgaatca ctataatgc ggcgaagc aggagccgaa aggctaaatt gcaggagggg 60
tgagcgaatgc ctgtgttttc atggcctct tacgttcatg aggcaaagta t 111

20 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 32:

(A) LÄNGE: 76 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzeln

(D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30 (iii) HYPOTHETISCH: ja

35 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

40 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 32:

PFCEETKTER LWPRCRPPAA VGFSTQNPVG GDSESNLFSL PFLGSKANPI PTHWSSALIF60
NLPSPPFQNT HIPFQN 76

45 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 33:

(A) LÄNGE: 72 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzeln

(D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 33:

SSFLFSFQTQ FHKNRKDKVF SSRQAKPFPH HQSILKIHEE VERSVSGRLK GSSSNPTAA60
EKIEIEILKI TS 72

10 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 34:

- (A) LÄNGE: 70 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzeln
15 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

25 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 34:

KKLDYFCAEI KNSHCKTKIK IAQIRKPGGA KCQVSKVHFF SLSKRSSTKT ARIKFSVADK60
QSPFHINQS 70

30 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 35:

- (A) LÄNGE: 60 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzeln
35 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

45 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 35:

SSGPAPGCSP FAGTRKNFPS MVVLERTFLK INYIFLCIPM EFQFIRCSPW PPQNTEVIPA60

50 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 36:

- (A) LÄNGE: 63 Aminosäuren
(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

15 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 36:

ASGVHTETHR YNLLSAKSRK KGWGYLGWLG FDFLLVCLFC TKTCLSFEYR RDISIYMLSN60
 QDG 63

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 37:

20 (A) LÄNGE: 170 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 37:

ARAARAAQTP HLTLPAIDLQT LHLLNRPTLSP ESKLEWNNDI PEVNHLNSEH WRKTEKWTGH 60
 EETNHLETDF SGDGMTELEL GPSPRLQPIR RHPKELPQYG GPGKDIFEDQ LYLPVHSDGI120
 SVHQMFMTMAT AEHRSSNNSIA GKMLTKVEKN HEKEKSQHLE GSASSSLSSD 170

40 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 38:

45 (A) LÄNGE: 144 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 38:

5 ARAPTLDMRF RRRLSADPHQ TQRNSAEARG TMDGRVQLMK ALLAGPLRPA ARRWRNPIPF 60
 PETFDGDTDR LPEFIVQTCS YMFDENTFS NDALKVTFLI TRLTGPALQW VIPYIRKESP120
 LLNDYRGFLA EMKRVFGWEE DEDF 144

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 39:

- 10 (A) LÄNGE: 178 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzeln
 (D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 39:

25 HSLGRAPVET LAVATGTANS SQSTRPQARG SPGLEVLVLL PSKDSLHLGQ KAPVIIEQGA 60
 LLPDVGDHPL QGWPREAGDE ERHLQGVVGE RVLVHEHVGA RLHDELRESV GISVKRLGKG120
 NRVPPATRRG PEGPGQEGLH QLHPTVHRAA RLRGVSLGCV GVSAKASPEA HVEGGGPG 178

30 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 40:

- (A) LÄNGE: 89 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzeln
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

45 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 40:

KLTGINTGCR NMLALCIRGH AQQIQEIYLA TFSRKGLGI IHYILEVFLG FFFFFLRLQSC60
 CIAQAGSVVA QSQLIASSIT QGLSNPPTL 89

50 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 41:

- (A) LÄNGE: 95 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzeln

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

5 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

10 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 41:

IVTWRKVPMS LCQRFFFFVVR IGIFRLLKGL AHIRCDLFIP VVMEGHICQS LESAKAGTRF60
PGPQWGCANP RELGCKFVKN QHHVWQLSIG ARSLP 95

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 42:

(A) LÄNGE: 154 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzeln

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25 :

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

30 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 42:

CQLVFRIQTD GSYWSLGLTS SGNITFSWAE MLLPALKQHS VLKTSWQAPG SNTQLPNMML 60
ILHEFATQFS RVCTPPLWAG EPGPGLRRQ ALADVALHNN GNEKVTPYVR QALKESEYPN120
PHKRRGTLAK THGNFPPSND LDERRATQDSP SCSV 154

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 43:

(A) LÄNGE: 79 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzeln

(D) TOPOLOGIE: linear

45 :

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50 :

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 43:

LASTLGVETC LPYVSEDMLS RSKRYIWQLF LEKAHWVSFI TFLSFFGFFF FFFETVLLYC60
PGWSVVAQSQ LIASSITQA 79

5

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 44:

- (A) LÄNGE: 82 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- 10 (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

20 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 44:

CQLVFRIQTD GSYWSLGLTS SGNITFSWAE MLLPALKQHS VLKTSWQAPG SNTQLPNMML60
ILHEFATSWL PRLQHSAVGT QS 82

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 45:

- (A) LÄNGE: 68 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- 30 (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40 :

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 45:

RGSKDRNSGQ GSGSYGQLSC RGFSDFQFSRV CTPPLWAGEP GPGLRRLQAL ADVALHNNGN60
EKVTPYVR 68

45

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 46:

- 50 (A) LÄNGE: 87 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 46:

DYVVSLRKKF VWGLWAVNAL GTIWKTGSCP QFLPKLDSLS GCPKSLIPGP ASPTPVTPPP60
APGPSLHPRS PPSGAHPPPE NSRRAAR 87

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 47:

- (A) LÄNGE: 51 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 47:

QALESGFWDT PKVSPTWGET EGSSQFSILF PTHSLPTVPT QTFSAGSQHS P

51

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 48:

- (A) LÄNGE: 20 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 48:

RRITYKWRRS RSPKAKLQEG

20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 49:

- 5 (A) LÄNGE: 36 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzeln
 (D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15 (iii) HYPOTHETISCH: ja

15 (iv) HERKUNFT:

- 15 (A) ORGANISMUS: MENSCH

15 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 49:

GESLINGAEA GARRLNCRGG ERMLCFHGPL TLMRQS

36

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 50:

- 25 (A) LÄNGE: 26 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzeln
 (D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30 (iii) HYPOTHETISCH: ja

35 (iv) HERKUNFT:

- 35 (A) ORGANISMUS: MENSCH

35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 50:

KHSIRSPLLQ FSLRAPASAP FISDSP

26

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 51:

- 45 (A) LÄNGE: 25 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzeln
 (D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50 (iii) HYPOTHETISCH: ja

50 (iv) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 51:

5

EAHESTAFAH PSCNLAFGLL LRRHL

25

Patentsprüche

1. Eine Nukleinsäure-Sequenz, die ein Genprodukt oder ein Teil davon kodiert, umfassend
 - a) eine Nukleinsäure-Sequenz, ausgewählt aus der Gruppe Seq ID No 14-18, 30, 31.
 - 10 b) eine allelische Variation der unter a) genannten Nukleinsäure-Sequenzen oder
 - 15 c) eine Nukleinsäure-Sequenz, die komplementär zu den unter a) oder b) genannten Nukleinsäure-Sequenzen ist.
2. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß einer der Sequenzen Seq ID Nos 14-18, 30, 31, oder eine komplementäre oder allelische Variante davon.
3. Nukleinsäure-Sequenz Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 31, dadurch gekennzeichnet, daß sie in Uterusmyomgewebe erhöht exprimiert sind.
- 25 4. BAC, PAC und Cosmid-Klone, enthaltend funktionelle Gene und ihre chromosomale Lokalisation, entsprechend den Sequenzen Seq. ID. No. 1 bis Seq. ID No. 31, zur Verwendung als Vehikel zum Gentransfer.
- 30 5. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 4, dadurch gekennzeichnet, daß sie eine 90%ige Homologie zu einer humanen Nukleinsäure-Sequenz aufweist.
- 35 6. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 4, dadurch gekennzeichnet, daß sie eine 95%ige Homologie zu einer humanen Nukleinsäure-Sequenz aufweist.
- 40 7. Eine Nukleinsäure-Sequenz, umfassend einen Teil der in den Ansprüchen 1 bis 6 genannten Nukleinsäure-Sequenzen, in solch einer ausreichenden Größe, daß sie mit den Sequenzen gemäß den Ansprüchen 1 bis 6 hybridisieren.
- 45 8. Ein Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 7, dadurch gekennzeichnet, daß die Größe des Fragments eine Länge von mindestens 50 bis 4500 bp aufweist.
- 50 9. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 7, dadurch gekennzeichnet, daß die Größe des Fragments eine Länge von mindestens 50 bis 4000 bp aufweist.

10. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß einem der Ansprüche 1 bis 9, die mindestens eine Teilsequenz eines biologisch aktiven Polypeptids kodiert.

5

11. Eine Expressionskassette, umfassend ein Nukleinsäure-Fragment oder eine Sequenz gemäß einem der Ansprüche 1 bis 9, zusammen mit mindestens einer Kontroll- oder regulatorischen Sequenz.

10

12. Eine Expressionskassette, umfassend ein Nukleinsäure-Fragment oder eine Sequenz gemäß Anspruch 11, worin die Kontroll- oder regulatorische Sequenz ein geeigneter Promotor ist.

15

13. Eine Expressionskassette gemäß einem der Ansprüche 11 und 12, dadurch gekennzeichnet, daß die auf der Kassette befindlichen DNA-Sequenzen ein Fusionsprotein kodieren, das ein bekanntes Protein und ein biologisch aktives Polypeptid-Fragment umfaßt.

14. Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen gemäß den Ansprüchen 1 bis 10 zur Herstellung von Vollängen-Genen.

25

15. Ein DNA-Fragment, umfassend ein Gen, das aus der Verwendung gemäß Anspruch 14 erhältlich ist.

30

16. Wirtszelle, enthaltend als heterologen Teil ihrer exprimierbaren genetischen Information ein Nukleinsäure-Fragment gemäß einem der Ansprüche 1 bis 10.

35

17. Wirtszelle gemäß Anspruch 16, dadurch gekennzeichnet, daß es ein prokaryontisches oder eukaryontische Zellsystem ist.

40

18. Wirtszelle gemäß einem der Ansprüche 16 oder 17, dadurch gekennzeichnet, daß das prokaryontische Zellsystem E. coli und das eukaryontische Zellsystem ein tierisches, humanes oder Hefe-Zellsystem ist.

45

19. Ein Verfahren zur Herstellung eines Polypeptids oder eines Fragments, dadurch gekennzeichnet, daß die Wirtszellen gemäß den Ansprüchen 16 bis 18 kultiviert werden.

50

20. Ein Antikörper, der gegen ein Polypeptid oder ein Fragment gerichtet ist, welches von den Nukleinsäuren der Sequenzen Seq. ID No. 1-31 kodiert wird, das gemäß Anspruch 19 erhältlich ist.

21. Ein Antikörper gemäß Anspruch 20, dadurch gekennzeichnet, daß er monoklonal ist.
- 5 22. Ein Antikörper gemäß Anspruch 20 dadurch gekennzeichnet, daß er ein Phage-
Display-Antikörper ist.
23. Polypeptid-Teilsequenzen, gemäß den Sequenzen Seq. ID Nos. ORF 32-51.
- 10 24. Polypeptid-Teilsequenzen gemäß Anspruch 22, mit mindestens 80%iger Homologie zu diesen Sequenzen.
- 15 25. Ein aus einem Phage-Display hervorgegangenen Polypeptid, welches an die Polypeptid-Teilsequenzen gemäß Anspruch 24 binden kann.
27. Verwendung der Polypeptid-Teilsequenzen gemäß den Sequenzen Seq. ID No. 32 bis 51, als Tools zum Auffinden von Wirkstoffen gegen das Uteruskarzinom.
- 25 28. Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen gemäß den Sequenzen Seq. ID No. 1-31 zur Expression von Polypeptiden, die als Tools zum Auffinden von Wirkstoffen gegen das Uteruskarzinom verwendet werden können.
- 30 29. Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No. 1-31 in sense oder antisense Form.
- 35 30. Verwendung der Polypeptid-Teilsequenzen Seq. ID No. 32 bis Seq. ID No. 51 als Arzneimittel in der Gentherapie zur Behandlung des Uteruskarzinom.
31. Verwendung der Polypeptid-Teilsequenzen Seq. ID No. 32 bis Seq. ID No. 51, zur Herstellung eines Arzneimittels zur Behandlung gegen das Uteruskarzinom.
- 40 32. Arzneimittel, enthaltend mindestens eine Polypeptid-Teilsequenz Seq. ID No. 32 bis Seq. ID No. 51.
- 45 33. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 10, dadurch gekennzeichnet, daß es eine genomische Sequenz ist.
- 50 34. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 10, dadurch gekennzeichnet, daß es eine mRNA-Sequenz ist.

35. Genomische Gene ihre Promotoren, Enhancer, Silencer, Exonstruktur, Intronstruktur und den Spleißvarianten, erhältlich aus den cDNAs der Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 31.

5

36. Verwendung der genomischen Gene gemäß Anspruch 33, zusammen mit geeigneten regulativen Elementen.

10

37. Verwendung gemäß Anspruch 34, dadurch gekennzeichnet, daß das regulative Element ein geeigneter Promotor und/ oder Enhancer ist.

15

38. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 7, dadurch gekennzeichnet, daß die Größe des Fragments eine Länge von mindestens 300 bis 3500 bp aufweist.

Zusammenfassung

- 5 Es werden menschliche Nukleinsäuresequenzen -mRNA, cDNA, genomische Sequenzen- aus Uterusmyomgewebe, die für Genprodukte oder Teile davon kodieren, und deren Verwendung beschrieben.

Es werden weiterhin die über die Sequenzen erhältlichen Polypeptide und deren Verwendung beschrieben.

10

Systematische Gen-Suche in der Incyte LifeSeq Datenbank

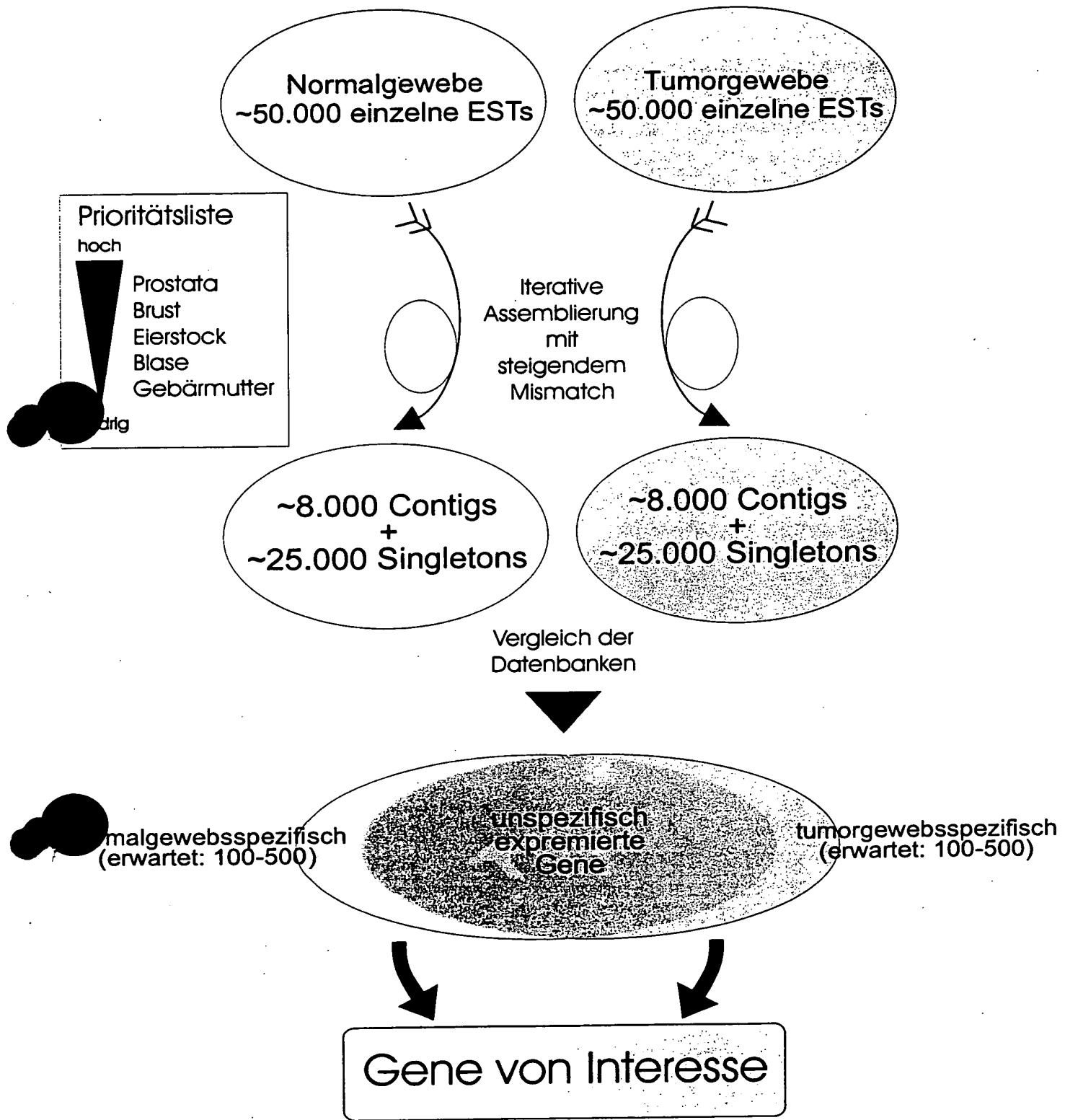


Fig. 1

Prinzip der EST-Assemblierung

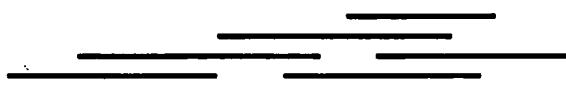
~50.000 ESTs pro Gewebe



Assemblierung bei 0% Mismatch
mit GAP4 (Staden)



Contigs



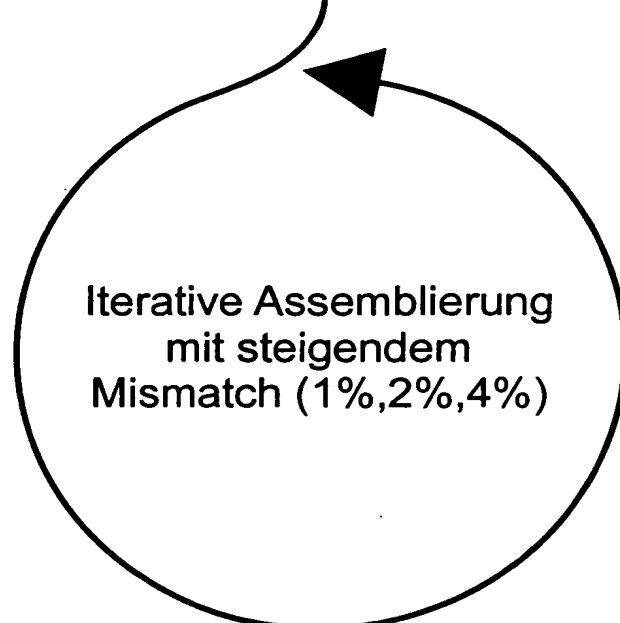
Singletons



In Anzahl und Länge
zunehmende Contigs



Iterative Assemblierung
mit steigendem
Mismatch (1%, 2%, 4%)



5000-6000 Contigs ~25.000 übrige Singletons



**~30.000 Konsensus-
sequenzen pro Gewebe**

Fig. 2a

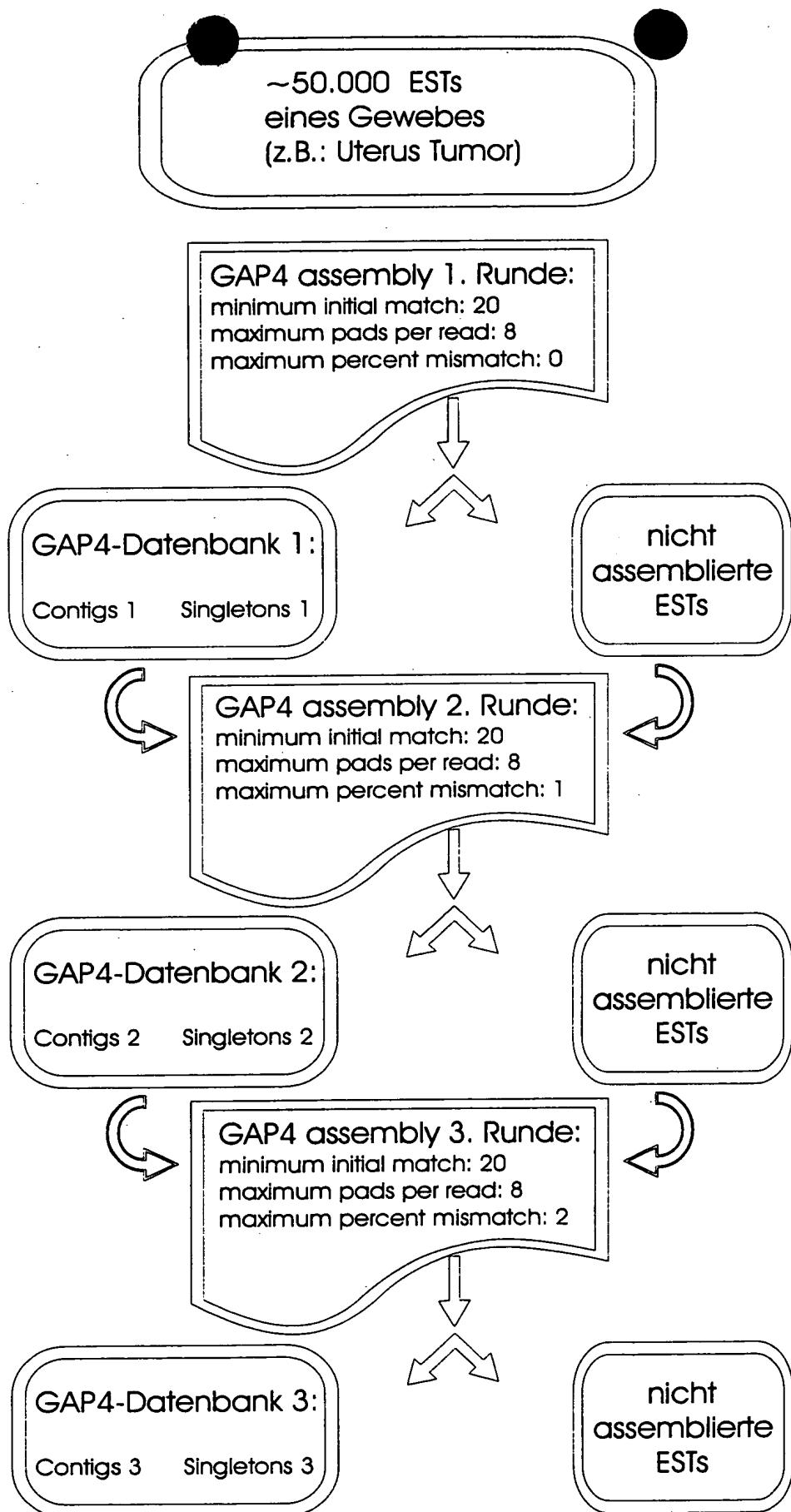


Fig. 2b1

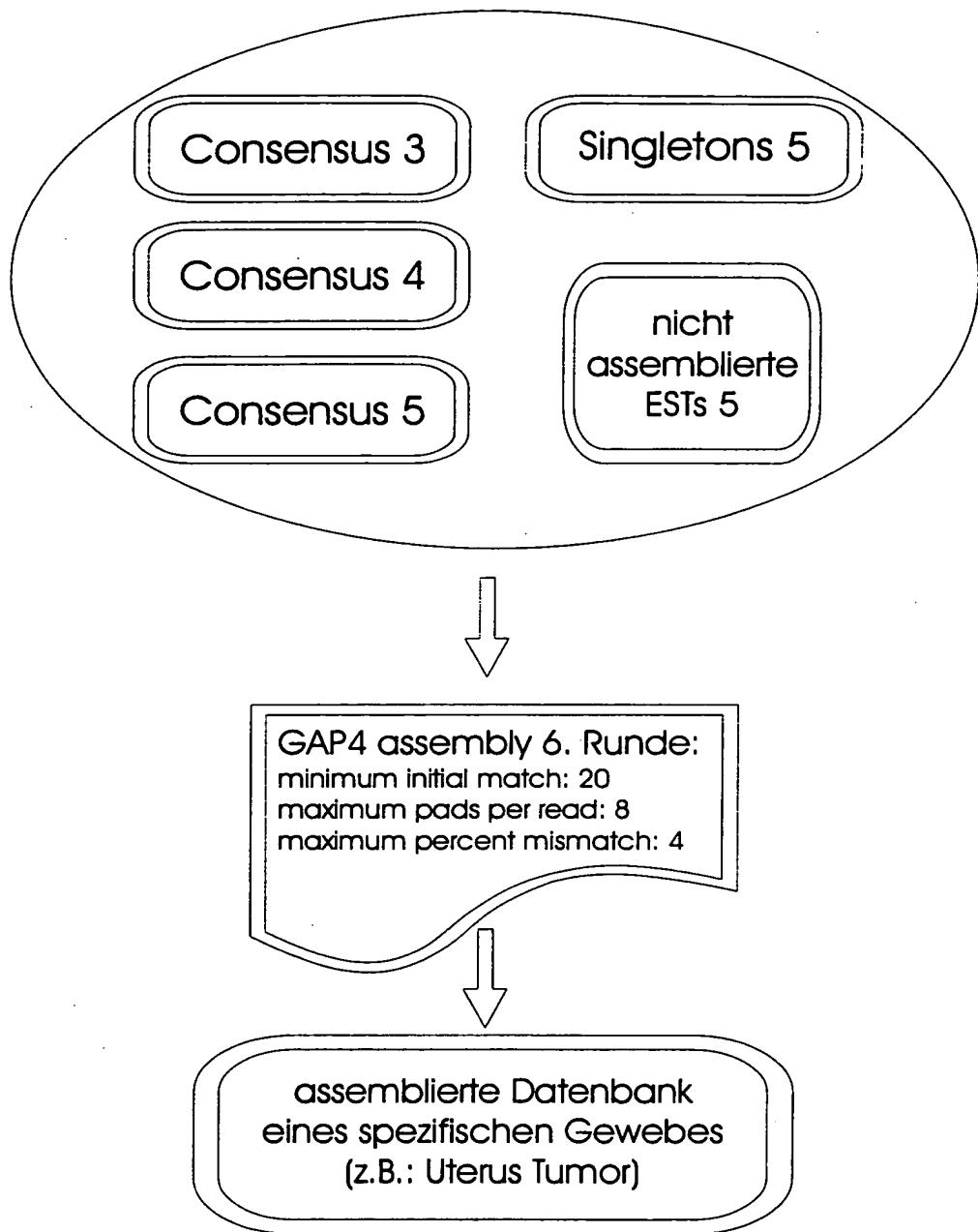
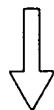
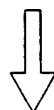


Fig. 2b3

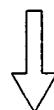
assemblierte Datenbank
eines spezifischen Gewebes
(z.B.: Uterus Tumor)



Consensus 6



Einlesen als Singletons



Datenbank eines
spezifischen Gewebes
(z.B.: Uterus Tumor)

Datenbank eines zweiten
spezifischen Gewebes
(z.B.: Uterus Normal)

GAP4 assembly
minimum initial match: 20
maximum pads per read: 8
maximum percent mismatch: 4

Tumor-Gewebs-
spezifische
ESTs

nicht Gewebs-
spezifische
ESTs

Normal-Gewebs-
spezifische
ESTs

Fig. 2b4

In silico Subtraktion der Genexpression in verschiedenen Geweben

~30.000 Konsensussequenzen
Normalgewebe

~30.000 Konsensussequenzen
Krebsgewebe

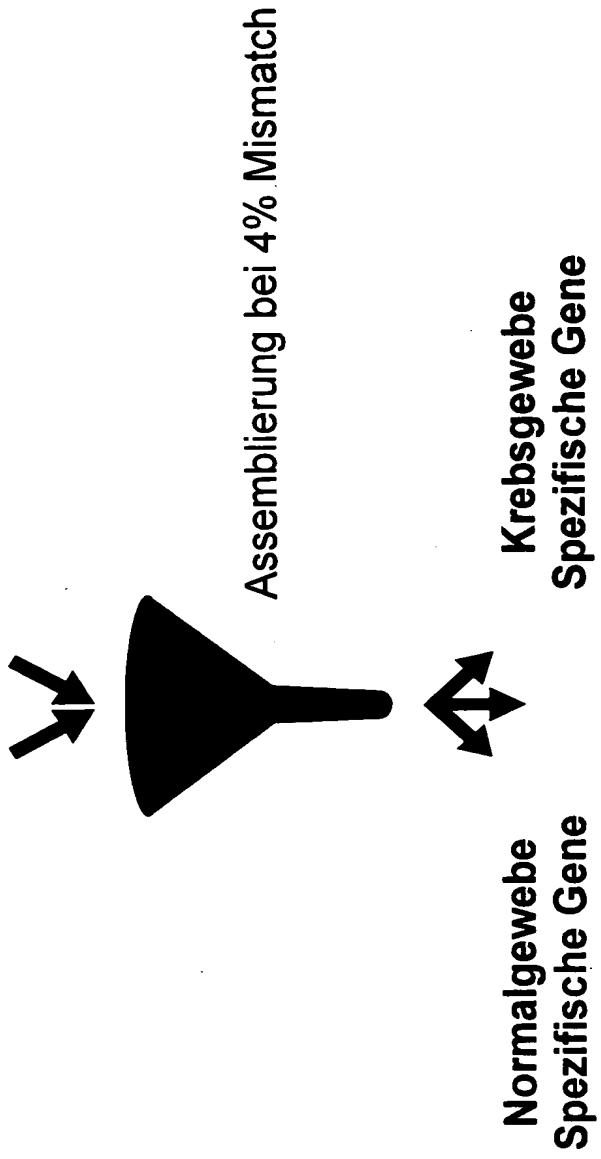
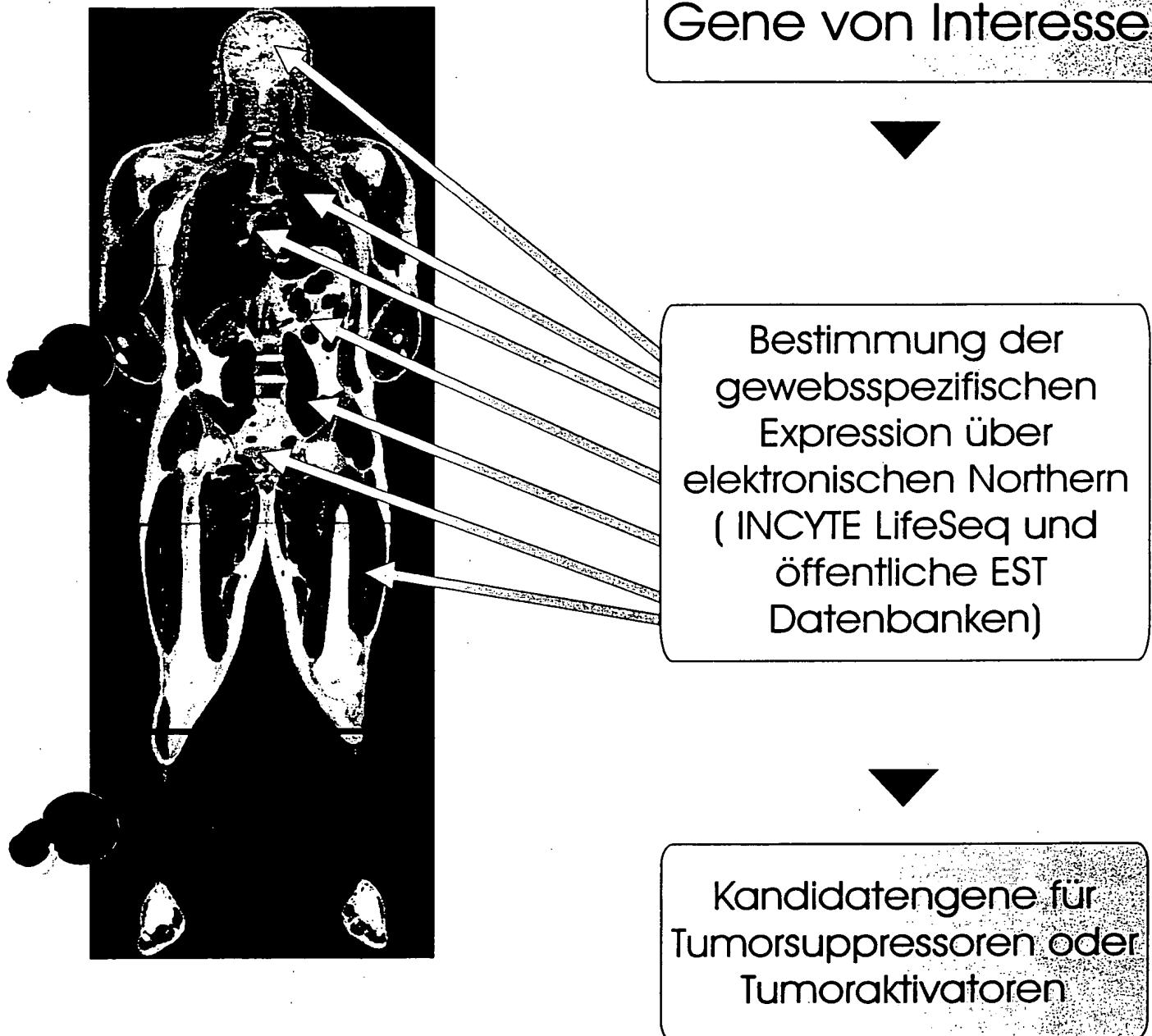


Fig. 3



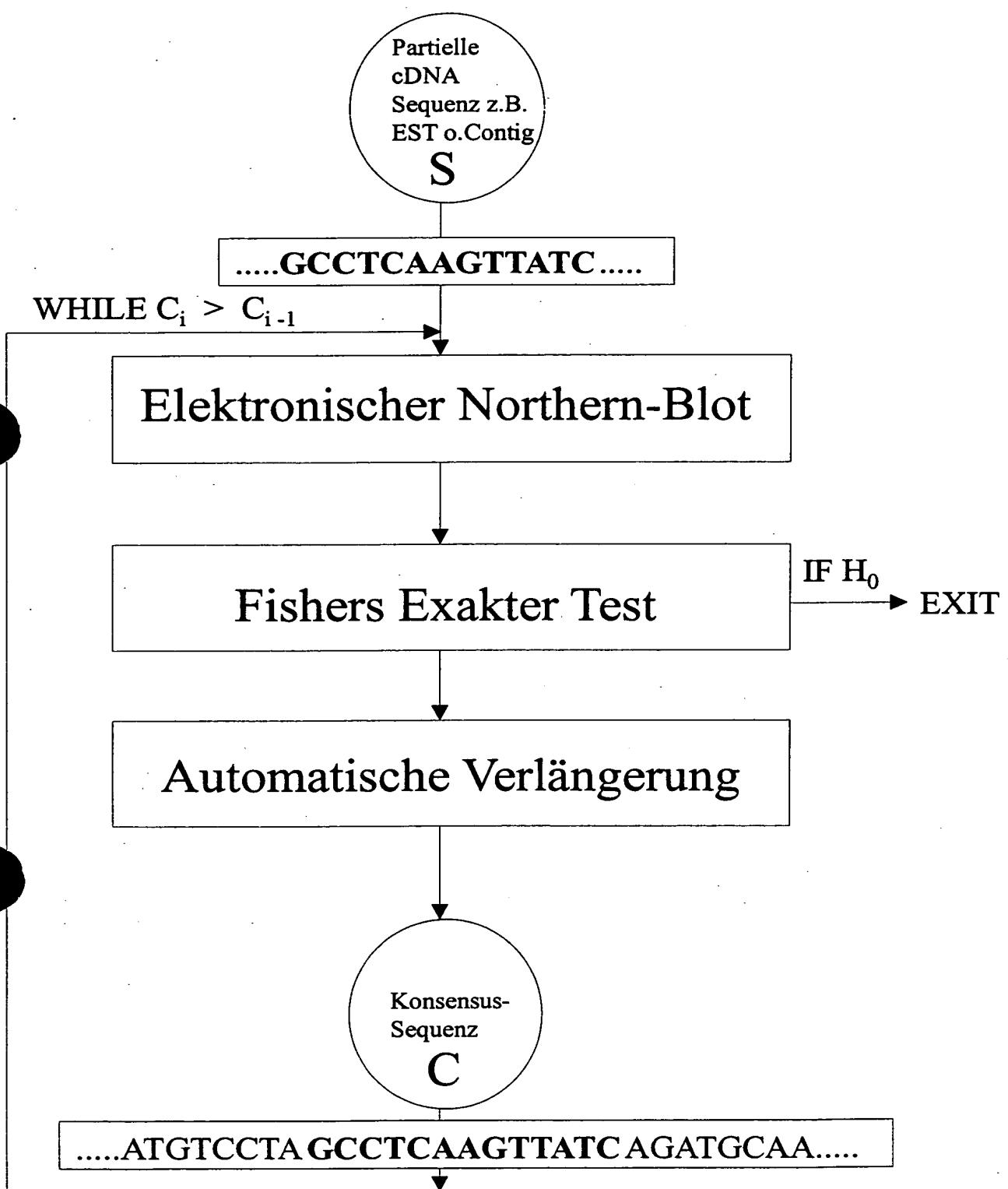


Fig. 4b

Isolieren von genomischen BAC und PAC Klonen

Chromosomal Klon-Lokalisation über FISH



Sequenzierung von Klonen, die in Regionen lokalisiert sind, die chromosomal Deletionen in Prostata- und Brustkrebs aufweisen, führt zur Identifizierung von Kandidatengenen



Bestätigung der Kandidatengene durch Screening von Mutationen und/oder Deletionen in Krebsgeweben

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 5

5 ggcgcaggcgc gaagaagctg gcaggggcac gagccgggg cgggttgaa gacgcgtcg 60
tgggtttgg aggccgtgaa acagccgtt gagtttggt gcgggtggag aacgttgtc 120
aggggcccgg ccaagaagga ggccgcctg ttacgatggt gtcatgagt ttcaagcgg 180
accgcagtga ccgggtctac agcacccggt gctgcggctg ttgcctatgtc cgacccgg 240
cgatcatcct ggggacctgg tacatggtag taaacctatt gatggcaatt ttgctgactg 300
tggaagtgac tcataccaaac tccatgccag ctgtcaacat tcaaatgaa gtcatcgta 360
attactattc gtctgagaga atggctgata atgcctgtgt tcttttgcc gtctctgttc 420
ttatgtttt aatcagttca atgctgggtt atggagcaat ttcttatcaa gtgggttggc 480
tgattccatt ctctgttac cgacttttg acttcgtcct cagttgcctg gttgttattt 540
15 gttctctcac ctatggcca agaatcaaag aatatctgaa tcaactacat gatttccct 600
acaaagatga ctcctggcc ttggactcca gtcgcctcct gttcattgtt cttgtgttct 660
ttgccttatt catcatttt aaggcttac taattaactg tgtttggaaac tgctataaat 720
acatcaacaa ccgaaacgtg ccggagattg ctgtgtaccc tgccttgaa gcacccctc 780
agtacgttt gccaacctat gaaatggccg taaaaatgcc taaaaaagaa ccaccacctc 840
cttacttacc tgcctgaaga aattctgcct ttgacaataa atcctataacc agcttttgt 900
20 ttgtttatgt tacagaatgc tgcaattcag ggcttccaa acttgtttag atataaaata 960
tggggccct ttggttttaa agcaattttt ttccaaaac actaaggag ccttttggaa 1020
catctggta aacggcctt ttggttttt t 1051

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 6:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1516 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

35

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

45

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 6

50 gttgtcctca tccctctcat acagggtgac caggacgttc ttgagccagt cccgcattcg 60
caggggaaag aagatccatg agaaggagaa ggcgcctggag gcaggagacc accccgtgga 120
gctgctggcc cgggacttcg agaagaacta taacatgtac atcttcctcg tacactggca 180
gttcggccag ctggaccacg accccattga cgggtaccc tcccacaccc agctggctcc 240
actgcgtgct cccctcatcc ccatggagca ttgcaccacc cgcttttcg agacctgtga 300
55 cctggacaat gacaagtaca tcgcctgga tgagtggcc ggctgcttcg gcatcaagca 360
gaaggatatac gacaaggatc ttgtgtatca aatccactcc ttccacagta ccggattctc 420
tcttaaccc tcccttcgt gttttttttt atgtttttttt tggtttggatg gttttttttt 480

ctgcctggag acaaggt aacatagatt taagtgaata cattaac gctaaaaatg 540
 aaaattctaa cccaaga tgacattttt agctgttaact taactat ggcctttcc 600
 acacgcatta atagtccccat ttttctcttg ccatttttag ctttgccttcat tgcatttttgc 660
 ggcacatggg gtggacacgg atctgctggg ctctgcctt aacacacatt gcagctcaa 720
 5 cttttctt tagtgttctg tttgaaaacta atacttaccg agtcagactt tgcattttttc 780
 tcatttcagg gtcttggctg cctgtggct tccccaggtg gcctggaggt gggcaaaagg 840
 aagtaacaga cacacgtgt tgtcaaggat gggtttggga ctagaggctc agtgggtgg 900
 gagatccctg cagaacccac caaccagaac gtgggttgcc tgaggctgtt actgagagaa 960
 agattctggg gctgtgttat gaaaatatac acattctcac ataagcccag ttcatcacca 1020
 10 tttccttcctt tacctttcag tgcagttct tttcacatta ggctgttggt tcaaactttt 1080
 gggagcacgg actgtcagtt ctctggaaag tggtcagcgc atcctgcagg gcttctcc 1140
 ctctgtctt tgagaaacca gggctttct caggggctct aggactgcc aggctgttc 1200
 agccaggaag gccaaaatca agagtggat gtagaaagtt gtaaaataga aaaagtggag 1260
 ttggtaatc gttgtttctt tcctcacatt tggatgattt tcataagggtt ttagcatgt 1320
 15 tcctccctttt ctccacccttc ccctttttc ccccaagaat acagagaaaa ctcaaagtt 1380
 atggggaggg tcggatccta caggcctgag aatcggtcaa ctccaagcat ttcatggaa 1440
 aggccgcttc ctaattaatc ctacaaaccc ccacccagga tggtgagggg tttcaccaat 1500
 tcctccaaaa ataaaaa 1516

20 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 7:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2367 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

30 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

35 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 7

45 cgccggact ctggcgggt gaagggtgt gtcagctttt gcgtcaactcg agccctggc 60
 gctgcttgct aaagagccga gcacgcgggt ctgtcatcat gtcgcgttac gggcggtac 120
 gaggagaaaac caaggtgtat gttggtaacc tgggaactgg cgctggcaaa ggagagttag 180
 aaagggtttt cagttattat ggtcccttaa gaactgtatg gattgcgaga aatcctccag 240
 gatttgcctt tggaaatttca gaagatccta gagatgcaga agatgcgtt cggggactgg 300
 atggaaaggt gatttgcggc tcccgagtga ggggtgaact atcgacagggc atgcctcgga 360
 50 gatcacgttt tggatagacca cctgccccgac gtccttttga tccaaatgtt agatgtatg 420
 agtgtggcga aaagggacat tatgtttatg attgtcatcg ttacagccgg cgaagaagaa 480
 gcaggtcactg gtcttagatca catttcgtt ccagagggaa ggcataactt cgctcacgca 540
 gcaggagcag ggacgcaagg tcaagggtcag catctccctcg acgatcaaga tctatctctc 600
 ttctgtatgtc aagatcgtt tcactcagaa gatcttaggtc tgggtctata aaaggatcga 660
 55 ggtatccatc atccccgtcg aggtcaagat caagatccag gtctatccatc cgaccaagaa 720
 gcagccgatc aaagttccaga tctccatctc caaaaagaag tcgttccccca tcaggaagtc 780
 ctgcgcagaag tgcaggatcct gaaagaatgg actgaagctc tcaagttcac cctttaggg 840
 aaagtttattt tggttacatt attataaggg atttgtatg tctgtaaagt gtaacctagg 900

aaagataatt caacccata atcaaaatgg atctggatta ctat[REDACTED]at tcacagcagt 960
 aagataatat aaattttgtt gaatgttata acatcatatg gtct[REDACTED]aat gtgggttttt1020
 attggcaca tttaaataaa atgtttctaa ctagattttt gatttgtgtt caatattaac1080
 acttcttaat ttgatataatt tgagagttag acattataat tggtaacctt attcatacat1140
 5 acctacattc agaattgaaa ggtttgggt aagtcttga catcaattt ctagcataal200
 aacttggcca ggatcttaag ggactttgaa aattccatct tacccttgta gctctgggtal260
 agatgacctg agtcccattt gatacagcct gaatgcata tgacagatcc ttaagttagc1320
 taatccgttt gaagttgggt ttagtaggtt ttgtatgatc agtggtaag caagtaggac1380
 cactgatgtg tctaaatgag catgacagga actaaacgaa actgattaaa tgtatgagaal440
 10 atagaaaactg atttctggat gatctttata ctaattgcag ctttcaggct actaggtggc1500
 atagttaa tttaggactcc ccaagatatg gggagttcta ctctcaatgg tcttgtttct1560
 ttgcttctta cattagttaa ccagtttat accaaaaat gcatgttga ggaattgtct1620
 gaaattggga caaaacaccc tcatgtaaac cagcttgcg aaattttcca gcccagatac1680
 tcttcatcta ttcaaatttgc ttgtcttatt ctgagcaag acctgttggt aatcttcaag1740
 15 cttagtttg cagttcccaa ccacaacatt cttctatcc gccaggctgg tgcaaagtaa1800
 ttaaagatgt caatcagaaa tgtcaatgag actaaagtgg tttgtaaat ctcagctata1860
 tttagcaaca ctccatgttag ctaatatttt ttggtagcat ctggtagacc tttagatgtt1920
 acatagccag taggttctt attcaaattt taagtatctt aagaatagta gggcagtaac1980
 agttactttt gagagtttc tggtaagct ttaccaggc attctctagc cttggtacaa2040
 20 aaaaaaaaaa aacctgctgg ttgcgcagat acctaggctt gtccatttt tgcatattcag2100
 caaagtcttggg ggatactatt gcaacttggg aatactggc tgcataatg ttattcggta2160
 gtttgaccgc tagtatgtt gaagttattt ggattgtttt tggaaattttg actggctgaa2220
 ttatgggtgg tataaagtttga tggtaataac tggcaggctt atttatctgt tgcaattgg2280
 tagctttat tggctgtat tattttaaaga taagttactt caacaataaa tctgcagaga2340
 ttgaacaaat aaaaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 2367

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 8:

- 30 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 (A) LÄNGE: 568 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear
- 35 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA
- 40 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- 45 (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:
- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
- 50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 8

ctcgagccgt gggcagtggc cgcgaaatgcg cggagacact gacccatcgc gcctcggtc 60
 cagcgccatg gcccctcca ggaagttctt cgttggggga aactgaaaga tgaacggcg120
 gaagcagagt ctgggggagc tcatacgac tctgaacgcg gccaaaggcgc cggccgacac180
 55 cgaggtgggt tggctcccc ctactgccta tatcgacttc gcccggcaga agctagatcc240
 caagattgtt gtggctgcg agaactgcta caaagtgact aatggggctt ttactggga300
 gatcagccct ggcataatca aagactgcgg agccacgtgg gtggctctgg ggcactcaga360
 gagaaggcat gtctttgggg agtcaatgtga gctgattggg cagaaagtgg cccatgctct420

ggcagaggga ctcggac tcgcctgcat tggggagaag ctagat gggaaagctgg 480
 catcaactgag aatgttg tcgagcagac aaaggtcatc ggggatg tgaaggactg 540
 gatcaagtgc gtcctggcct gttggcct 568

5 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 9:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1775 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

15 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

20 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

25 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 9

30 ctcgggggcc attttgtcaa gagacgaaga ctgagcggtt gtggccgcgt tgccgacctc 60
 cagcagcagt cggttctct acgcagaacc cgggagtagg agactcagaa tcgaatctct 120
 tctccctccc cttcttgta gattttttg atcttcagct acatttcgg ctttgtgaga 180
 aaccttacca tcaaacacga tggccagcaa cgttaccaac aagacagatc ctcgctccat 240
 gaactcccgt gtattcattt ggaatctcaa cactttgtg gtcaagaaaat ctgatgtgga 300
 ggcaatcttt tcgaagtatg gcaaaattgt gggctgtct gttcataagg gctttgcctt 360
 35 cgttcaigtat gtaatgaga gaaatgcccgg ggtctgtta gcaggagagg atggcagaat 420
 gattgtggc cagggttttag atattaacct ggctgcagag caaaaagtga accgaggaaa 480
 agcagggttg aaacgatctg cagcggagat gtacggctcc tctttgact tggactatga 540
 ctttcaacgg gactattatg ataggatgtt cagttacca gcacgtgtac ctcctccctt 600
 tcctattgtc cgggctgttag tgccctcgaa acgtcagcggt gtatcaggaa acacttcacg 660
 aaggggcaaa agtggcttca attctaagag tggacagcgg ggatcttcca agtctggaaa 720
 gttgaaagga gatgaccttc aggccattaa gaaggagctg acccagataa aacaaaaagt 780
 ggattctctc ctggaaaacc tggaaaaaat tgaaaagaa cagagcaaacc aagcagttaga 840
 gatgaagaat gataagttag aagaggagca gagcagcagc tccgtgaaga aagatgagac 900
 taatgtgaag atggagtcg aggggggtgc agatgactt gctgaggagg gggacctact 960
 45 ggatgatgat gataatgaag atcggggggta tgaccagctg gagttgatca aggatgatga 1020
 aaaagaggct gaggaaggag aggtatgacag agacagcgcc aatggcgagg atgacttta 1080
 agcacatagt ggggtttaga aatcttatcc cattatttct ttaccttaggc gttgtctaa 1140
 gatcaaattt ttcaccagat cctctccct agtatcttca gcacatgctc actgttctcc 1200
 50 ccatccttgc ctttccccatg ttcatattt catattggcc cgcgcctagt cccattttca 1260
 cttccttgc cgctccctgt agtttgcgtt agtcttaccc tgtaattttt gcttttaatt 1320
 ttgataaccc ttatgactt aacaataaaa aggatgtatg gtttttatca actgtctcc 1380
 aaataatctc ttgttatgca gggagtagat ttctttcat tcatacataa gttcagtagt 1440
 tgcttcctca actgcaaagg caatctcatt tagttgagta gctcttgaaa gcagcttga 1500
 gttagaagta tgggtgttac accctcacat tagtgcgtg tggggggcag ttcaacaca 1560
 55 atgtaacaat gtatTTTGT gaatgagagt tggcatgtca aatgcacatcct ctggaaaat 1620
 aattagtgtt atagtctta gattttttt ctaaaagtta tactgtgggt tattttgtg 1680
 aacagcctga tgggtggac ctttttcct caaaataaac aagtccttat taaaccaggaa 1740
 attggagaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaa 1775

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 10:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 5 (A) LÄNGE: 509 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzeln
 (D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

15 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:10

25 caggtcgagt ggccactgct cagaccagac ttgcgtcgta ctgcgtgcgc tcgcgtcgct 60
 tttcctccgc aaccatgtct gacaaacccg atatggctga gatcgagaaa ttgcataagt120
 cgaaaactgaa gaagacagag acgcaagaga aaaatccact gccttccaaa gaaacgattg180
 aacaggagaa gcaaggcaggc gaatcgtaat gaggcgtgcg ccgcataat gcactgtaca240
 30 ttccacaaggc attgccttct tattttactt cttttagctg tttactttt taagatgcaa300
 agaggttgaa tcaagttaa atgactgtgc tgccccttc acatcaaagg gactacttga360
 acaacggaag ggccgcggcc taccttccc atctgtctat ctatctggct ggcagggaaag420
 ggaagagttg cagggtgggtg aggaagaagt ggggtggaaag aagttggatg ggccgccagt480
 aaaacttggg taaaaccgaac ttggccaag 509

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 11:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 40 (A) LÄNGE: 2191Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzeln
 (D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

50 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HIGHLIGHTS:
 (A) BIBLIOTHEK cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 11

5 actgagcgag ggccagccgt gcggcatcta caccgagcgc tggctccg gccttcgtc 60
 ccagccgtcg cccgacgagg cgccggct gcaggcgct ctggacggcc gcccgtctg 120
 cgtcaacgct agtgcgtca gcccgtcg cgcctactg ctggcagcgc cggcagctcc 180
 10 aggaaatgct agtgagtcgg aggaagaccg cagcggccgc agtgtggaga gcccgtccgt 240
 ctccagcacg caccgggtgt ctgatcccaa gttccacccc ctccattcaa agataatcat 300
 catcaagaaa gggcatgcta aagacagcca ggcgtacaaa gttgactacg agtctcagag 360
 cacagataacc cagaacttct cctccgagtc caagcggag acagaatatg gtccctgccc 420
 tagagaaatg gaagacacac tgaatcacct gaagttctc aatgtgctga gtcccaagggg 480
 tgtacacatt cccaactgtg acaagaaggg attttataag aaaaagcgt gtcgccttc 540
 15 caaaggcagg aagcggggct tctgtggtg tggataag tatggcagc ctctcccagg 600
 ctacaccacc aaggggaagg aggacgtgca ctgtacagc atgcagagca agtagacgcc 660
 tgccgcaagg ttaatgtgga gctcaaataat gccttattt gcacaaaaga ctgccaagga 720
 catgaccaggc agtggctac agcctcgatt tatatttctg ttgtggta actgatttt 780
 ttaaaccaaa agtttagaaa gaggttttg aatgcctat gtttcttg aatggtaaac 840
 20 ttgagcatct ttcaacttcc cagtagtcag caaagagcag tttgaatttt ctgtcgctt 900
 cctatcaaaaa tattcagaga ctcgagcaca gcacccagac ttcatgcgcc cgtggatgc 960
 tcaccacatg ttggtcgaag cggccgacca ctgactttgt gacttaggcg gctgtgtgc 1020
 ctatgttagag aacacgcttc acccccactc cccgtacagt ggcacacaggc tttatcgaga 1080
 ataggaaaaac cttaaaccctt cggtcatccg gacatccaa cgcacatgcgc tggagctcac 1140
 agccttctgt ggtgtcattt ctgaaacaag ggcgtggatc cctcaaccaa gaagaatgt 1200
 tatgtctca agtgacactgt actgcttggg gactatttga gaaaataagg tggagtccta 1260
 cttgtttaaa aaatatgtat ctaagaatgt tctaggccac tctgggaacc tataaaggca 1320
 ggtatttcgg gccttcctt tcagaatct tcctgaagac atggcccaat cgaaggccca 1380
 ggatggctt tgctgcggcc ccgtgggtt ggagggacag agagacaggg agagtcagcc 1440
 30 tccacatca gggcatcac aagtaatggc acaattttc ggatgactgc agaaaatagt 1500
 gttttgttagt tcaacaactc aagacgaagc ttattttctga ggataagctc tttaaaggca 1560
 aagtttattt ttcatctctc atctttgtc ctccttagca caatgtaaaa aagaatagt 1620
 atatcagaac aggaaggagg aatggcttgc tggggagccc atccaggaca ctgggagcac 1680
 atagagatttcc accatgtt gttgaactt gagtcattt catgtttt tttataattc 1740
 35 acacatataat gcaagagaaga tatgttctt ttaacatgt atacaacata gccccaaata 1800
 tagtaagatc tatactagat aatcttagat gaaatgttag agatgtata tgatacaact 1860
 gtggccatga ctgagggaaag gagtcacgc ccagagactg ggctgtctc ccggaggccca 1920
 aacccaagaa ggtctggcaa agtcaggctc agggagactc tgcctgtg cagaccccg 1980
 tgtggacaca cgtgcataag agcttcctt gaaaacagag gggtctcaag acatttgcc 2040
 tacctttagt cttttcttta ttttttaac tttttgggg gaaaagtatt tttgagaagt 2100
 ttgtcttgca atgtattttt aaatgtaaa taaagtttt accattaaaa aaaaaggag 2160
 40 aaaaagaaa aaaaaggccg gccggcact a 2191

45 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 12:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1769 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

55

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

- (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

- 5 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 12

10	attattttaca ttcaaaaata attcccccta atcgtttac tccttaagttc attaccattg 60
	ttggccacc ttaggttcca ccacttggtt gttaaaaaa ccctgggttc aaacagggac 120
	atggcaaggg gacacaggac agaggggtcc ccagctgcc a cctcacccac cgcaattcat 180
	ttagtagcag gcacaggggc agctccggca cggcttctc aggctatgc cggagcctcg 240
	agggctggag agcgggaaga caggcagtgc tcggggagtt gcagcaggac gtcaccagga 300
15	gggcgaacgg ccacgggagg gggggccccc gacattgccg agcaaggagg ctgcaggggc 360
	tcggcctgcg ggcggccggc ccacaggac ctgcggccca gggctctggtg cggagagggc 420
	ccacagtggc cttgggtgacg ctgtatgcc tcaccgc gcccctgggg ctggcttggc 480
	agacagtaca gcatccaggc gagtcaggg catggggcga gaccagacta ggcgaggcgg 540
	gcggggcga gtaaatgagc ttcaggagg gaggatggtg caggcagggg tgaggagcgc 600
	agggggcggc gagcgggagg cactggctc cagagcccg ggcgaaggcg ggcctcgccg 660
	gcggcgaacgg accggggatc ggtgcctcag ctggcgggtc ggagacggg ccaggctcc 720
	agctgggtg gacgtgccc ccagctgccg aaggcaagac gccaggctcg gtggacgtga 780
	caagcaggac atgacatggt ccgggtgtac ggcgaggaca gaggaggcgc gtccggcctt 840
	cctgaacacc ttaggcttgt ggggctgcgg caagaaggcg gtctgtttct ttacttcctc 900
	cacggagtgc gcacactatg gtcgcctct gggctcccg aaccacaaat atgaaagaaa 960
	tggtgctacc cagctcaagc ctggccctt gaatccggac aaaaaaccct ctacttggal020
	aatgaatatg ctgcacttta caaccactgc actacgtgc tcaggaatcg gtccttggag1080
	gtgaagctag aggaaccaga cctcatcagc ccaacatcaa agacaccatc ggaacacgcag1140
	cgccccgcac acccaccccc cacggcgcac tccatctca tggccacccc ctgcggcggal200
30	cggttgacca ccagccacca catcatccca gagctgagct cctccagcgg gatgacgccc1260
	tccccaccac ctccctcttc ttcttttca tccttctgtc tctttgtttc tgagcttcc1320
	tgtcttcct ttttctgag agattcaaag cctccacac tctgtttccc ccgtcccttc1380
	tgaatttaat ttgactaag tcatttgcac tgggtggagt tgtggagacg gccttggatc1440
	tcagtagcag tggcgtgag tgtgagccac ctggcaagt gcctgtgcag gggccggccg1500
	ccctccatct gggccgggtg actggcgc ggcgtgtgc ccgaggcctc accctgccc1560
	cgcctagtct ggaagctccg accgacatca cggagcagcc ttcaagcatt ccattacgccc1620
	ccatctcgct ctgtgcccct ccccaccagg gcttcagcag gagcccttggaa ctcatcatca1680
	ataaacactg ttacagcaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa1740
	aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaaag 1769

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 13:

- 45 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 (A) LÄNGE: 1026 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

- 50 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- 55 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

- (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 13

aaaagctgtc cgcgcccccc gcccaggccc agctttgggg ttgtccctgg acttgttgg 60
 10 gttccagaac ctgacgaccg ggcgacggcg acgtcttt tgactaaaag acagtgtcca 120
 gtgctccagc ctaggagtct acggggaccg cctcccgccg cgcaccatg cccaaacttct 180
 ctggcaactg gaaaatcatc cgatcgaaaa acttcgagga attgctaaa gtgctgggg 240
 tgaatgtgat gctgagggaaatgattgtgg ctgcagcgca caagccagca gtggagatca 300
 aacaggaggg agacactttc tacatcaaaa cctccaccac cgtgcgcacc acagagatta 360
 15 acttcaaggt tggggaggag tttgaggagc agactgtgga tggaggccc tctaagagcc 420
 tggtaaaatg ggagagtggaaataaaatgg tctgtgagca gaagctctg aagggagagg 480
 gccccaaagac ctcgtggacc agagaactga ccaacgtatgg ggaactgatc ctgaccatga 540
 cggcggatga cttgtgtgc accagggct acgtccgaga gtgagtgcc acaggtagaa 600
 20 cccggccga agccaccac tggccatgct caccgcctg cttcaactgcc ccctccgtcc 660
 cacccctcc ttctaggata ggcgtccct taccccaatc acttctgggg gtcactggg 720
 tgcctcttgc agggttttgc tttcttttgc ctcttccttc ctcccttaca ccaacaaaga 780
 ggaatggctg caagagccca gatcacccat tccgggttca ctcccccctt ccccaagtca 840
 25 gcagtcctag ccccaaaccac gcccagagca gggtctctt aaaggggact tgagggcctg 900
 agcaggaaag actggccctc tagtttctac cttttttttt tttttttttt acagttttaga 960
 atatttattt gttttttttt tttttttttt tttttttttt aaaaaaaaaaaa aaaaaaaaaaaa1020
 aaaaaaa 1026

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 14:

30 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 676 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

45

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 14

55

ggccattttgc tgaagagacg aagactgagc ggttggccgc gcgttgcggc cttccagcag 60
 cagtcggctt ctctacgcag aaccggggtaggagactc agaatcaat ctcttctccc120
 tccctctt gggcagcaag gcgaacccca tccctactca ctggagctca gctttgattt180
 ttaacccccc ttccccaccc ttccagaaca cacacattcc attccaaaac tgattttata240
 aagacatttt aaacataatg atgcaacttg gtgtgcacta cagcaaatgt acaggtgtt300

ttttttaat tgtaaaa accgggacct ggatttaaga tgaattt aaaatttcta 360
 ttctatccc ttcggca gttgggttag aggaggagga gcctttagc ctcccagaaa 420
 ctgacccttc tactccctcg tgtatTTTA agattgattg atgatgtgga aagggctttg 480
 cttgtctgct actgaaaact ttatccctgc ggttttgcgaa tggaaagaga 540
 aaagaatga acttactga cttgacattt tgcacccccc ggttttcgaa tctggcaat 600
 ttaattttg gtttacagt gagagttttt gatctcagca cagaagtaat ccaattttt 660
 ttagcattt ccgact 676

10. (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 15:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1254 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

20 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

25 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

30 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 15

35 cggtcgagc agctcgagcg gctcaaacac ctcatttgac cttgccagct gacccatcaaa 60
 ccctgcattt gaaccgacca acattaagtc cagagagtaa acttgaatgg aataacgaca 120
 ttccagaagt taatcatttg aattctgaac actggagaaa aaccgaaaaa tggacggggc 180
 atgaagagac taatcatctg gaaaccgatt tcagtggcga tggcatgaca gagctagagc 240
 tcgggccccag ccccaggctg cagccattc gcaggcacccc gaaagaactt ccccaagtatg 300
 gtggtcctgg aaaggacatt tttgaagatc aactataatct tcctgtgcat tccgatggaa 360
 tttcagttca tcagatgttc accatggcca ccgcagaaca ccgaagtaat tccagccatag 420
 cggggaaagat gttgaccaag gtggagaaga atcacaaaaa ggagaagtca cagcacctag 480
 aaggcagcgc ctccctttca ctctcctctg attagatgaa actgttaccc tacccctaaac 540
 acagtatttc ttttaactt ttttatttgg aaactaataa agttaatcac agccaccaac 600
 attccaaagct accctgggtt cctttgtgca gtagaagcta gtgagcatgt gagcaagcgg 660
 45 tgtgcacacg gagactcatc gttataattt actatctgcc aagagtagaa agaaaggctg 720
 gggatatttg ggttggcttg gttttgattt ttgttgtt tttttgtttt gtactaaaac 780
 agtattatct tttgaatatc gtagggacat aagtatatac atgttatcca atcaagatgg 840
 ctagaatggc gccttctga gtgtctaaaa cttgacacccc ctggtaatc tttcaacaca 900
 50 cttccactgc ctgcgtaatg aagtttgat tcattttaa ccactggaaat ttttcaatgc 960
 cgtcattttc agttagatga ttttgcactt tgagattaaa atgccccatgtc tatttgattt 1020
 gtcttattttt ttatTTTA caggcttac agtctcaactg ttggctgtca ttgtgacaaa 1080
 gtcaaataaa cccccaaggc cgacacacag tatggatcac atattgtttg acattaagct 1140
 tttgccagaa aatgttgcat gtgttttacc tcgacttgct aaaatcgtt agcagaaaagg 1200
 catggctaat aatgttggtt gtgaaaataa ataaataagt aaacaaaaag aaaa 1254

55

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 16:

5 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 537 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

15 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

15 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

20 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

25 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 16

```

ggcccgggccc cccaccctcg acatgcgtt ccggcgacgc cttagcgctg acccccacgc 60
25 aacccagcga aactccgcgg aggccgcgcgg cacgatggac ggtcggggtgc agctgtatgaa120
ggcccttcgt gccggggcccc tccggcccgcc ggcgcgtcgc tggaggaacc cgattccctt180
tcccgagacg tttgacggag atacccgaccg actcccgag ttcatcggtgc agacgtgctc240
ctacatgttc gtggacgaga acacgttctc caacgacgcc ctgaagggtga cgttctctcat300
30 caccgcctc acggggccag ccctgcagtgc ggtgatcccc tacatcagga aggagagccc360
cctgctcaat gattaccggg gcttctggc cgagatgaag cgagtctttg gatgggagga420
ggacgaggac ttcttaggccc ggagaccctc gggcctgggg gcgggtgctc tgggaagagt480
tcgctgtgcc agtggccacc gctagggtct ccacaggcgc cctccccagg gaatgct 537

```

35 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 17:

40 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 823 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

50 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-CHREIBUNG: SEQ ID NO: 17

	tagactgaac	aggaggggga	gtcctggta	gcgcgccgt	ctaaatcggtt	acttggcgga	60
5	aagttcccat	gagtcttgc	cagcgtcccc	ctccttttgt	gaggattggg	atattccgac	120
	tccttaaggg	cctggcgcac	ataagggtgt	acctttcat	tcccgttgtt	atggagggcc	180
	acatctgcca	gaggctggag	tctgcgaagg	ccgggaccgg	gttccccggc	ccacagtggg	240
	ggtgtgcaaa	cccgagagaa	ctgggttgc	aattcgtgaa	gaatcagcat	catgtttggc	300
10.	agctgagtat	tggagccagg	agcctgccc	gaggtttga	gaacagagt	ctgttttaga	360
	gctggcagca	gcatctcagc	ccaagagaag	gttatattcc	cagaggatgt	cagtcccaag	420
	gaccagttagc	tgcctatcagt	ttggattctg	aaaactaact	ggcatcaaca	ctgggtgttag	480
	aaacatgctt	gccttatgt	tcagaggaca	tgctcagcag	atccaaagaga	tatatttggc	540
	aacttttctt	agaaaaggca	cattgggtat	cattcattac	attcttgagg	tttttttggg	600
15	tttttttttt	ttttttttag	gacagtctt	ctgtattgcc	caggctggg	gtgtggtggc	660
	acaatcacag	ctcattgcat	cctcaatcac	ccagggccta	agcaatcctc	ccaccttgt	720
	gctgggacta	cagctcacag	cacaccgggc	taaaattttt	ttttgtttag	acggtttttc	780
	tatgttqccc	qqqtggttt	cagggtccgg	gttcaagat	gtc		823

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 18:

- 20 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 (A) LÄNGE: 1082 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzeln
 (D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

30 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

35 (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

	gggcgcacat	aagggtgtgac	cttttcattc	ccgttgttat	ggagggccac	atctgccaga	60
	gcctggagtc	tgcgaaggcc	gggaccgggt	tccccggccc	acagtggggg	tgtgcaaacc	120
45	cgagagaact	ggtcgctgaa	acctctacaa	cttagttgac	cgttaactgccc	agagccctgc	180
	cctgaattcc	tgtccttact	ccctctttaa	gattgcgtac	ccactgcaga	gtgctgaaga	240
	cggggtagcc	acgaggttgc	aaattcgtga	agaatcagca	tcatgtttgg	cagctgagta	300
	ttggagccag	gagcctgcca	tgaggttttg	agaacagagt	gctgttttag	agctggcagc	360
50	agcatctcag	cccaagagaaa	ggtttatattc	ccagaggatg	tcagtcggca	ggaccaggtag	420
	ctgccatcag	tttggattct	aaaaactaac	tggcatcaac	actgggtgt	gaaacatgct	480
	tgccttatgt	atcagaggac	atgctcagca	gatccaagag	atatattttgg	caactttttc	540
	tagaaaaggc	acattgggta	tcattcatta	cattcttgag	ttttttttggg	tttttttttt	600
	ttttttttga	gacagtcttg	ctgttattgcc	caggctggag	tgtgttggca	caatcacacgc	660
55	tcattgcattc	ctcaatcacc	caggcctaag	caatcctccc	accttgttagc	tgggactactaca	720
	gctcacagca	cacctggcta	aaattttttt	tttggttgaga	cggattctct	atgttgccca	780
	ggctggtctc	agctcctgg	gctcagatgg	tcctcctgccc	tcagcttcca	aaggcacacagg	840
	ccaagttgta	gctttgtccc	ttgccatcat	gcccaacaag	aggttctata	ccttttaatgt	900

aattgacttt cataaaat~~t~~ ttatgttgg gggcaagttc ttttaag aaattgtaaa 960
 ttcctcctga aatgttt~~t~~ catgcagtta ccatgaacta atacta aaaggatggt1020
 cttgggtgtc aaaaaaaaaaaaaaaa aaaaaaaaaaaaaaaa aaaaaaaaaaaa1080
 aa 1082

5

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 19:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1548 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

15

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

20

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

25

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 19

30

ccattccat agggaatgag ctgggctgtc ctttctcccc acgttcaccc gcacttcgtt 60
 agagaggagt gtcacatgc cacaccacaa gatccccaca atgacataac tccattcaga 120
 gactggcggt actgggtgg gtctccccc cccccccctc agctcttgta tcactcagaa 180
 tctggcagcc agttccgtcc tgacagagtt cacagcatat attgggtggat tcttgccat 240
 agtgcacatctg cttttaagaat taaccaaagc agtgtcaaga cagtaggat tcaaaccatt 300
 tgccaaaaat gagtctaagt gcatttaact tcttcttggc attgattggt ggtaccagt 360
 gccagttacta tgatttatgt ttcccttat caatttatgg gcaatcatca ccaaactgtg 420
 caccagaatg taactgccct gaaagctacc caagtccat gtactgtat gagctgaaat 480
 tgaaaaagtgt accaatgggt cctcctggaa tcaagtatct ttacctttagg aataaccaga 540
 ttgaccatat tgatggaaaag gccttggaga atgtaactga tctgcagtgg ctcattctag 600
 atcacaacct tctagaaaac tccaagataa aaggagaggt ttctctaaa ttgaaacaac 660
 tgaagaagct gcatataaaac cacaacaacc tgacagatgc tggggccca cttccaaat 720
 ctctggagga tctgcagctt actcataaca agatcacaaa gctgggtct tttgaaggat 780
 tggtaaacct gacccttcattt catctccagc acaatcggt gaaagaggat gctgtttcag 840
 ctgctttaa aggtcttaaa tcactcgaat accttgcattt gagcttcaat cagatagcca 900
 gactgccttc tggctccct gtctctttc taactctcta cttagacaac aataagatca 960
 gcaacatccc tgatgagtat ttcaagcgat ttaatgcattt gcaatctgtc cgtttatctc1020
 acaacgaact ggctgatagt ggaataccctg gaaattctt caatgtgtca tccctgggtg1080
 agctggatct gtcctataac aagcttaaaa acataccacat tgcataatgaa aaccttgaal1140
 actattacct ggaggtcaat caacttggaa agtttgcattt aaagagcttc tgcaagatcc1200
 50 tggggccatt atcctactcc aagatcaagc atttgcgtt ggatggcaat cgcatctcag1260
 aaaccagtct tccaccggat atgtatgaat gtctacgtt tgctaacgaa gtcactctt1320
 attaatatct gtatccttgg acaatatttt atggttatgt tttctgtgt gtcagtttc1380
 atagtatcca tatttttattt ctgttattt cttccatgaa ttttaaaatc tgagggaaat1440
 gttttgtaaa catttatttt tttttaaagg aaaaggatgg aaaggccagg gcctaatttc1500
 55 catccaccaa ggaacacacc acattattcc acggaatagg ccattcggg 1548

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 20:

THIS PAGE BLANK (USPTO)